

(19) 世界知的所有権機関
国際事務局



(43) 国際公開日
2005年4月21日 (21.04.2005)

PCT

(10) 国際公開番号
WO 2005/035740 A1

(51) 国際特許分類: C12N 5/10, 15/13, C12P 21/08 (81) 指定国(表示のない限り、全ての種類の国内保護が可能): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BW, BY, BZ, CA, CH, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DZ, EC, EH, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU, ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NA, NI, NO, NZ, OM, PG, PH, PL, PT, RO, RU, SC, SD, SE, SG, SK, SL, SY, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZM, ZW.

(21) 国際出願番号: PCT/JP2004/015315

(22) 国際出願日: 2004年10月8日 (08.10.2004)

(25) 国際出願の言語: 日本語

(26) 国際公開の言語: 日本語

(30) 優先権データ:
特願2003-350166 2003年10月9日 (09.10.2003) JP

(71) 出願人(米国を除く全ての指定国について): 協和醸酵工業株式会社 (KYOWA HAKKO KOGYO CO., LTD.) [JP/JP]; 〒1008185 東京都千代田区大手町一丁目6番1号 Tokyo (JP).

(72) 発明者: および
(75) 発明者/出願人(米国についてのみ): 中野了輔 (NAKANO, Ryosuke). 佐藤光男 (SATOH, Mitsuio). 飯田茂 (IIDA, Shigeru). 浦久保美保 (URAKUBO, Miho). 楠万知 (KUSUNOKI, Machi). 木下聰子 (KINOSHITA, Satoko). 大貫尚子 (OHNUKI, Naoko).

(84) 指定国(表示のない限り、全ての種類の広域保護が可能): ARIPO (BW, GH, GM, KE, LS, MW, MZ, NA, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), ヨーラシア (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), ヨーロッパ (AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HU, IE, IT, LU, MC, NL, PL, PT, RO, SE, SI, SK, TR), OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

添付公開書類:

— 國際調査報告書

— 明細書とは別に規則13の2に基づいて提出された生物材料の寄託に関する表示。

2文字コード及び他の略語については、定期発行される各PCTガゼットの巻頭に掲載されている「コードと略語のガイドスノート」を参照。

(54) Title: GENOMICALLY MODIFIED CELL NEUTRALIZED TO SERUM-FREE SYSTEM

(54) 発明の名称: 無血清剤化したゲノム改変細胞

(57) Abstract: Attempts have been made to develop host cells capable of producing glycoprotein compositions such as antibody compositions useful in drug discovery. It is intended to provide a cell having been neutralized to a serum-free medium and carrying a knockout genome gene of an enzyme which participates in a sugar chain modification whereby fucose is attached via an α -bond at the 1-position to the 6-position of N-acetylglucosamine at the reducing end of an N-glycoside-binding complex sugar chain; and a process for producing a glycoprotein composition with the use of this cell.

(57) 要約: 医薬開発上有用な抗体組成物などの糖蛋白質組成物を生産することが可能な宿主細胞の開発が求められている。本発明は、無血清培地に剤化した、N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンの6位にフコースの1位が α 結合する糖鎖修飾に関与する酵素のゲノム遺伝子がノックアウトされた細胞および該細胞を用いた糖蛋白質組成物の製造方法を提供する。

WO 2005/035740 A1

明細書

無血清馴化したゲノム改変細胞

5 技術分野

本発明は、血清を含有しない培地（以下、「無血清培地」と称す）に馴化した、N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンの6位にフコースの1位が α 結合する糖鎖修飾に関与する酵素のゲノム遺伝子がノックアウトされた細胞および該細胞を用いた抗体組成物を始めとする糖蛋白質組成物の製造方法に関する。

10

背景技術

花井らは、抗体のN-グリコシド結合糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンへのフコースの付加が抗体の抗体依存性細胞傷害活性（ADCC活性）を50倍以上低下させると言った大きい影響を与えることを報告している〔WO00/61739、J. Biol. Chem., 278, 3466, (2003)〕。これらの報告は、ヒトIgG1サブクラスの抗体のエフェクター機能に糖鎖の構造が極めて重要な役割を果たしており、糖鎖の構造が変わることでエフェクター機能と関連した薬理活性が変化することを示している。

20

一般的に、医薬への応用が考えられている抗体を始めとする糖蛋白質の多くは、遺伝子組換え技術を用いて作製され、動物細胞、例えばチャイニーズハムスター卵巣組織由來のCHO細胞などを宿主細胞として用い製造されている。しかしながら、発現させた糖蛋白質の糖鎖構造は宿主細胞によって異なるため、現状では、必ずしも、最適な薬理活性が發揮できるような糖鎖が付加されているとは限らない。

25

特に、抗体のように、N-グリコシド結合糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンへのフコースの付加が大きく薬理活性を下げると言う場合には、フコース修飾のない糖鎖構造を有する抗体分子を適切に調製し提供することが質の高い医療を患者へ提供する上で欠かせない。したがって、このような糖蛋白質の糖鎖構造を制御する技術の開発が望まれている。

30

糖蛋白質の糖鎖構造は、糖鎖遺伝子、すなわち、糖鎖を合成する糖転移酵素と糖鎖を分解する糖分解酵素の遺伝子によって規定されている。また、糖鎖への糖の供与体となる細胞内糖ヌクレオチドの生合成やゴルジ体への輸送などの機能を担った蛋白質の遺伝子によっても規定されている。これまでに、これらの糖鎖の修飾に係わる遺伝子を導入したり変異を与えたりすることで、その宿主細胞が產生する糖蛋白質の糖鎖構造を制御できる可能性が示されている。

35

糖鎖の修飾に係わる酵素遺伝子を導入することによって、生産される糖蛋白質の糖鎖構造を改变する試みがなされているが、その具体的な例としては、1) ラットの β -ガラクトシド α 2,6-シアリルトランスフェラーゼをCHO細胞に導入することで糖鎖の非還元末端にシアル酸が多く付加された蛋白質の製造が可能であること〔J. Biol. Chem., 261, 13848, (1989)〕、2) ヒトの β -ガラクトシド α 2- α フコシルトランスフェラーゼをマウスL細胞に導入することで糖鎖の非還元末端にフコース（以下、Fucとも表記する）が付加されたH抗原（Fuc α 1-2Gal β 1-）の発現が可能であること〔Science, 252, 1668, (1991)〕、3) β 1,4-N-アセチルグルコサミ

ン転移酵素 III (GnTIII) を導入した CHO 細胞を用いて抗体を生産することで N-グリコシド結合糖鎖のバイセクティングに位置する N-アセチルグルコサミンの付加の割合が高い抗体の生産が可能であること [Glycobiology, 5, 813 (1995)、W099/54342] を報告した例があげられる。

GnTIII を導入した CHO 細胞を用いて抗体を発現させた場合には、親株で発現させた抗体と比べて 1.6 倍高い ADCC 活性を示したが、GnTIII あるいは β 1,4-N-アセチルグルコサミン転移酵素 V (GnTV) の過剰発現は CHO 細胞に対して毒性を示すと報告されている。

糖鎖の修飾に係わる遺伝子の活性が変化した突然変異体は、例えば、WGA (*T. vulgaris* 由来の wheat-germ agglutinin)、ConA (*C. ensiformis* 由来の concanavalin A)、RIC (*R. communis* 由来の毒素)、L-PHA (*P. vulgaris* 由来の leukoagglutinin)、LCA (*L. culinaris* 由来の lentil agglutinin)、PSA (*P. sativum* 由来の Pea lectin) などのレクチンに耐性を示す株として取得されている [Somatic cell Mol. Genet., 12, 51, (1986)]。このような糖鎖の修飾に係わる遺伝子の活性が変化した突然変異体を宿主細胞として用いることで、生産される糖鎖構造が変化した糖蛋白質の生産例も報告されており、その具体的な例としては、N-アセチルグルコサミン転移酵素 I (GnTI) の活性が欠損している CHO 細胞変異株を用いてハイマンノース型糖鎖構造を有する抗体を生産した報告を挙げることができる [J. Immunol., 160, 3393, (1998)]。

また、CMP-シアル酸トランスポーターや UDP-ガラクトーストランスポーターの欠損株を用いて、糖鎖非還元末端側にシアル酸が付加していない糖鎖構造を有する抗体の発現や、ガラクトースの付加のない抗体の発現例が報告されているが、医薬への応用に適するようにエフェクターア作用向上させた抗体の発現には成功していない [J. Immunol., 160, 3393, (1998)]。

このような中、細胞内糖スクレオチド GDP-フコースの de novo 合成経路において、GDP-マンノースを GDP-4-ケト, 6-デオキシ-GDP-マンノースに変換する脱水反応を触媒する酵素である GDP-マンノース 4,6-デヒドラターゼの活性が低下した株を宿主細胞として用いることで、ADCC 活性の高い医薬応用に適した抗体の生産に成功した報告がなされている [W000/61739, J. Biol. Chem., 277, 26733, (2002)]。これらの報告では、N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端の N-アセチルグルコサミンの 6 位とフコースの 1 位が α 結合した糖鎖構造を認識するレクチンに耐性を示す株、例えば、AAL (*Aleuria aurantia* 由来の Lectin) に耐性を示す CHO-AAL 株、LCA (*L. culinaris* 由来の lentil agglutinin) に耐性を示す CHO-LCA 株あるいは Lec13 株が宿主細胞として用いられている。また、GDP-マンノース 4,6-デヒドラターゼの活性が低下した株としては、この他にも、マウス白血病由来の細胞株 BW5147 の PSA (*P. sativum* 由来の Pea lectin) 耐性変異株として樹立された PL^I.3 が知られている [J. Biol. Chem., 255, 9900, (1980)]。

しかしながら、これらいずれの株も完全な遺伝子欠損体ではないため、抗体が高い ADCC 活性を示す原因となっている糖鎖構造、すなわち、N-グリコシド結合糖鎖還元末端の N-アセチルグルコサミンへのフコースの付加をより完全に抑制することは困難である。特に、PL^I.3 や Lec13 株などの変異株は、変異剤処理によりランダムに変異を導入することで取得されており、医薬品製造に用いる株として必ずしも適した性質を有しているとは言い難い。一方、宿主細胞の糖鎖修飾に係わる酵素遺伝子を標的とした意図的に標的遺伝子のみを破壊した細胞株を用いて抗体などの糖蛋白質の生産を試みた報告はこれまでにない。

また、動物細胞や組換え動物細胞による糖蛋白質などの生理活性蛋白質の生産において、培養液中に血清が存在すると、血清のロット差が細胞収率や生産性に大きな影響を与える上、ウイルスやブリオン等の病原微生物の最終精製品への混在の可能性を考慮する必要がある。従つて、動物細胞を用いて医薬品への適応を目的とした生理活性蛋白質の生産を行う場合、血清を含有しない培地で培養することが望まれている。

発明の開示

無血清培地に馴化したN-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンの6位にコースの1位が α 結合する糖鎖修飾に関与するゲノム遺伝子がノックアウトされた細胞、該細胞を用いた糖蛋白質組成物の製造方法、該製造方法で製造された糖蛋白質組成物を提供することを目的とする。本発明の細胞は、糖鎖構造の改変された医薬開発上有用な抗体組成物等の糖蛋白質組成物の製造に有用である。

本発明は、以下の(1)～(27)に関する。

(1) 無血清培地に馴化した、N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンの6位にコースの1位が α 結合する糖鎖修飾に関与する酵素のゲノム遺伝子がノックアウトされた細胞。

(2) 無血清培地に馴化した、N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンの6位にコースの1位が α 結合する糖鎖修飾に関与する酵素のゲノム上の対立遺伝子のすべてがノックアウトされた、上記(1)に記載の細胞。

(3) 無血清培地に馴化した、N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンの6位にコースの1位が α 結合する糖鎖修飾に関与する酵素のゲノム遺伝子の開始コードを含むエクソン領域の部分が欠失した、上記(1)または(2)に記載の細胞。

(4) N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンの6位にコースの1位が α 結合する糖鎖修飾に関与する酵素が、 α -1,6-フコシルトランスクエラーゼである、上記(1)～(3)のいずれか1項に記載の細胞。

(5) α -1,6-フコシルトランスクエラーゼが、以下の(a)または(b)から選ばれるDNAがコードする蛋白質である、上記(4)に記載の細胞。

(a) 配列番号1で表される塩基配列からなるDNA；

(b) 配列番号1で表される塩基配列からなるDNAとストリンジエントな条件でハイブリダイズし、かつ α -1,6-フコシルトランスクエラーゼ活性を有する蛋白質をコードするDNA。

(6) α -1,6-フコシルトランスクエラーゼが、以下の(a)、(b)及び(c)からなる群から選ばれる蛋白質である、上記(4)に記載の細胞。

(a) 配列番号5で表されるアミノ酸配列からなる蛋白質；

(b) 配列番号5で表されるアミノ酸配列において、1以上のアミノ酸が欠失、置換、挿入および/または付加されたアミノ酸配列からなり、かつ α -1,6-フコシルトランスクエラーゼ活性を有する蛋白質；

(c) 配列番号 5 で表されるアミノ酸配列と 80 %以上の相同性を有するアミノ酸配列からなり、かつ α -1, 6-フコシルトランスフェラーゼ活性を有する蛋白質。

(7) N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端の N-アセチルグルコサミンの 6 位とフコースの 1 位が α 結合した糖鎖構造を認識するレクチンに耐性である、上記 (1) ~ (6) のいずれか 1 項に記載の細胞。

(8) 耐性が、N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端の N-アセチルグルコサミンの 6 位とフコースの 1 位が α 結合した糖鎖構造を認識するレクチンを含む培地で培養した場合に、ゲノム遺伝子がノックアウトされる以前の細胞よりも高い生存率を示すことを特徴とする耐性である、上記 (7) に記載の細胞。

10 (9) 無血清培地が無蛋白培地である、上記 (1) ~ (8) のいずれか 1 項に記載の細胞。

(10) 糖蛋白質をコードする遺伝子を含む上記 (1) ~ (9) のいずれか 1 項に記載の細胞。

(11) 糖蛋白質が、N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端の N-アセチルグルコサミンの 6 位とフコースの 1 位が α 結合した糖鎖構造を有さない糖蛋白質である上記 (10) に記載の細胞。

15 (12) 糖蛋白質が、抗体である上記 (10) または (11) に記載の細胞。

(13) 抗体のクラスが IgG である、上記 (12) に記載の細胞。

(14) 上記 (1) ~ (13) のいずれか 1 項に記載の細胞を用いることを特徴とする、糖蛋白質組成物を製造する方法。

20 (15) 上記 (1) ~ (13) のいずれか 1 項に記載の細胞を培地に培養し、培養物中に糖蛋白質組成物を生成蓄積させ、該培養物から糖蛋白質組成物を採取し、精製する工程を含む、糖蛋白質組成物を製造する方法。

(16) 糖蛋白質組成物を製造する方法が、バッチ培養、フェドバッチ培養またはバーフュージョン培養である、上記 (14) または (15) に記載の方法。

25 (17) 培養中に、栄養因子および生理活性物質から選ばれる少なくとも一種を培地に添加する、上記 (14) ~ (16) のいずれか 1 項に記載の方法。

(18) 栄養因子がグルコース、アミノ酸およびビタミンから選ばれる少なくとも一種である、上記 (17) に記載の方法。

(19) 生理活性物質が、インスリン、インスリン様増殖因子、トランスクレッセンスおよびアルブミンから選ばれる少なくとも一種である、上記 (17) に記載の方法。

30 (20) 糖蛋白質組成物が、抗体組成物である上記 (14) ~ (19) のいずれか 1 項に記載の方法。

(21) 細胞密度を 1×10^5 ~ 1×10^6 細胞/m² となるように馴化培地へ接種することを特徴とする、N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端の N-アセチルグルコサミンの 6 位にフコースの 1 位が α 結合する糖鎖修飾に関与する酵素のゲノム遺伝子がノックアウトされた細胞の無血清培地への馴化方法。

(22) 上記 (21) に記載の方法で細胞を無血清培地に馴化させた後、クローン化することを特徴とする、N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端の N-アセチルグルコサミンの 6 位にフ

コースの1位が α 結合する糖鎖修飾に関与する酵素のゲノム遺伝子がノックアウトされた細胞株を取得する方法。

(23) 上記(21)に記載の方法で得られる、無血清培地に馴化したN-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンの6位にフコースの1位が α 結合する糖鎖修飾に関与する酵素のゲノム遺伝子がノックアウトされた細胞。

(24) 上記(22)に記載の方法で得られる、無血清培地に馴化したN-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンの6位にフコースの1位が α 結合する糖鎖修飾に関与する酵素のゲノム遺伝子がノックアウトされたクローン細胞株。

(25) 無血清培地が無蛋白培地である、上記(21)または(22)に記載の方法。

(26) 無血清培地が無蛋白培地である、上記(23)に記載の細胞。

(27) 無血清培地が無蛋白培地である、上記(24)に記載のクローン細胞株。

以下、本発明を詳細に説明する。本願は、2003年10月9日に出願された日本国特許出願2003-350166号の優先権を主張するものであり、当該特許出願の明細書および図面に記載される内容を包含する。

本発明の、無血清培地に馴化した、N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンの6位にフコースの1位が α 結合する糖鎖修飾に関与する酵素のゲノム遺伝子がノックアウトされた細胞（以下、「本発明の細胞」と表記する）とは、N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンの6位にフコースの1位が α 結合する糖鎖修飾に関与する酵素（以下、「 α -1,6-フコース修飾酵素」と表記する）の活性が消失するようにゲノム遺伝子が改変された細胞があげられる。

ここで、 α -1,6-フコース修飾酵素の活性を消失するようにゲノムが改変されたとは、該酵素の発現を消失させるように該遺伝子の発現調節領域に変異を導入したり、あるいは該酵素の機能を消失させるように該遺伝子のアミノ酸配列に変異を導入することをいう。変異を導入するとは、ゲノム上の塩基配列に欠失、置換、挿入および／または付加といった塩基配列の改変を行うことをいう。このように改変されたゲノム遺伝子の発現または機能を完全に抑制することをノックアウトするという。ゲノム遺伝子をノックアウトする具体的な例としては、標的となる遺伝子のすべてまたは一部がゲノムから削除された例があげられる。具体的には、 α -1,6-フコース修飾酵素をコードする遺伝子において、少なくとも開始コドンを含むエクソンのゲノム領域を染色体上から欠失させること、またはすべての対立遺伝子を欠失させることなどがあげられる。

したがって、本発明の細胞としては、無血清培地に馴化した、 α -1,6-フコース修飾酵素の、ゲノム上の対立遺伝子のすべてがノックアウトされた細胞、該酵素の少なくとも開始コドンを含むエクソン領域の部分が欠失した細胞などがあげられる。

α -1,6-フコース修飾酵素とは、N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンの6位にフコースの1位が α 結合する糖鎖修飾に関与する酵素をいう。N-グリコシド結

合複合型糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンの6位にフコースの1位が α 結合する糖鎖修飾に関与する酵素としては、該反応に影響を与える酵素も含まれる。

α -1, 6-フコース修飾酵素としては、具体的には、 α -1, 6-フコシルトランスフェラーゼ、 α -L-フコシダーゼなどがあげられる。

5 また、N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンの6位にフコースの1位が α 結合する反応に影響を与える酵素としては、上述の α -1, 6-フコース修飾酵素の活性に影響を与えたる、該酵素の基質となる物質の構造に影響を与える酵素も含まれる。

本発明において、 α -1, 6-フコシルトランスフェラーゼとしては、下記(a)、(b)、(c)、(d)、(e)、(f)、(g)あるいは(h)のDNAがコードする蛋白質、または下記(i)、(j)、(k)、(l)、(m)、(n)、(o)、(p)、(q)、(r)、(s)あるいは(t)の蛋白質などがあげられる。

- (a) 配列番号1で表される塩基配列からなるDNA
- (b) 配列番号2で表される塩基配列からなるDNA
- (c) 配列番号3で表される塩基配列からなるDNA
- (d) 配列番号4で表される塩基配列からなるDNA
- 15 (e) 配列番号1で表される塩基配列からなるDNAとストリンジェントな条件でハイブリダイズし、かつ α -1, 6-フコシルトランスフェラーゼ活性を有する蛋白質をコードするDNA
- (f) 配列番号2で表される塩基配列からなるDNAとストリンジェントな条件でハイブリダイズし、かつ α -1, 6-フコシルトランスフェラーゼ活性を有する蛋白質をコードするDNA
- (g) 配列番号3で表される塩基配列からなるDNAとストリンジェントな条件でハイブリダイズし、かつ α -1, 6-フコシルトランスフェラーゼ活性を有する蛋白質をコードするDNA
- 20 (h) 配列番号4で表される塩基配列からなるDNAとストリンジェントな条件でハイブリダイズし、かつ α -1, 6-フコシルトランスフェラーゼ活性を有する蛋白質をコードするDNA
- (i) 配列番号5で表されるアミノ酸配列からなる蛋白質
- (j) 配列番号6で表されるアミノ酸配列からなる蛋白質
- 25 (k) 配列番号7で表されるアミノ酸配列からなる蛋白質
- (l) 配列番号8で表されるアミノ酸配列からなる蛋白質
- (m) 配列番号5で表されるアミノ酸配列において、1以上のアミノ酸が欠失、置換、挿入および/または付加されたアミノ酸配列からなり、かつ α -1, 6-フコシルトランスフェラーゼ活性を有する蛋白質
- 30 (n) 配列番号6で表されるアミノ酸配列において、1以上のアミノ酸が欠失、置換、挿入および/または付加されたアミノ酸配列からなり、かつ α -1, 6-フコシルトランスフェラーゼ活性を有する蛋白質
- (o) 配列番号7で表されるアミノ酸配列において、1以上のアミノ酸が欠失、置換、挿入および/または付加されたアミノ酸配列からなり、かつ α -1, 6-フコシルトランスフェラーゼ活性を有する蛋白質
- 35 (p) 配列番号8で表されるアミノ酸配列において、1以上のアミノ酸が欠失、置換、挿入および/または付加されたアミノ酸配列からなり、かつ α -1, 6-フコシルトランスフェラーゼ活性を有する蛋白質

(q) 配列番号 5で表されるアミノ酸配列と 80 %以上の相同性を有するアミノ酸配列からなり、かつ α -1, 6-フコシルトランスフェラーゼ活性を有する蛋白質

(r) 配列番号 6で表されるアミノ酸配列と 80 %以上の相同性を有するアミノ酸配列からなり、かつ α -1, 6-フコシルトランスフェラーゼ活性を有する蛋白質

5 (s) 配列番号 7で表されるアミノ酸配列と 80 %以上の相同性を有するアミノ酸配列からなり、かつ α -1, 6-フコシルトランスフェラーゼ活性を有する蛋白質

(t) 配列番号 8で表されるアミノ酸配列と 80 %以上の相同性を有するアミノ酸配列からなり、かつ α -1, 6-フコシルトランスフェラーゼ活性を有する蛋白質

また、 α -1, 6-フコシルトランスフェラーゼのアミノ酸配列をコードするDNAとしては、配列番号1、2、3または4で表される塩基配列を有するDNA、配列番号1、2、3または4で表される塩基配列を有するDNAとストリンジエントな条件でハイブリダイズし、かつ α -1, 6-フコシルトランスフェラーゼ活性を有するアミノ酸配列をコードするDNAなどがあげられる。

本発明において、ストリンジエントな条件下でハイブリダイズするDNAとは、例えば配列番号1、2、3または4で表される塩基配列を有するDNAなどのDNAまたはその一部の断片をプローブとして、コロニー・ハイブリダイゼーション法、ブラーク・ハイブリダイゼーション法あるいはサザンプロットハイブリダイゼーション法等を用いることにより得られるDNAを意味し、具体的には、コロニーあるいはブラーク由来のDNAを固定化したフィルターを用いて、0.7~1.0Mの塩化ナトリウム存在下、65°Cでハイブリダイゼーションを行った後、0.1~2倍濃度のSSC溶液（1倍濃度のSSC溶液の組成は、150mM塩化ナトリウム、15mMクエン酸ナトリウムよりなる）を用い、65°C条件下でフィルターを洗浄することにより同定できるDNAをあげることができる。ハイブリダイゼーションは、Molecular Cloning, A Laboratory Manual, Second Edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press, (1989)（以下、モレキュラー・クローニング第2版と略す）、Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, (1987-1997)（以下、カレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジーと略す）、DNA Cloning 1: Core Techniques, A Practical Approach, Second Edition, Oxford University (1995)等に記載されている方法に準じて行うことができる。ハイブリダイズ可能なDNAとして具体的には、配列番号1、2、3または4で表される塩基配列と少なくとも60%以上の相同性を有するDNA、好ましくは70%以上、より好ましくは80%以上、さらに好ましくは90%以上、特に好ましくは95%以上、最も好ましくは98%以上の相同性を有するDNAをあげることができる。

本発明において、配列番号5、6、7または8で表されるアミノ酸配列において1以上のアミノ酸が欠失、置換、挿入および/または付加されたアミノ酸配列からなり、かつ α -1, 6-フコシルトランスフェラーゼ活性を有する蛋白質とは、モレキュラー・クローニング第2版、カレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー、Nucleic Acids Research, 10, 6487 (1982)、Proc. Natl. Acad. Sci., USA, 79, 6409 (1982)、Gene, 34, 315 (1985)、Nucleic Acids Research, 13, 4431 (1985)、Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 82, 488 (1985)等に記載の部位特異的変異導入法を用いて、例えば、配列番号5、6、7または8で表されるアミノ酸配列を有する蛋白質をコードするDNAに部位特異的の変異を導入することにより取得することができる。

蛋白質をいう。欠失、置換、挿入および／または付加されるアミノ酸の数は1個以上でありその数は特に限定されないが、上記の部位特異的変異導入法等の周知の技術により、欠失、置換もしくは付加できる程度の数であり、例えば、1～数十個、好ましくは1～20個、より好ましくは1～10個、さらに好ましくは1～5個である。

5 また、本発明において、配列番号5、6、7または8で表されるアミノ酸配列と80%以上の相同性を有し、かつ α -1,6-フコシルトランスフェラーゼ活性を有する蛋白質とは、BLAST [J. Mol. Biol., 215, 403 (1990)] やFASTA [Methods in Enzymology, 183, 63 (1990)] 等の解析ソフトを用いて計算したときに、配列番号5、6、7または8に記載のアミノ酸配列を有する蛋白質と少なくとも80%以上、好ましくは85%以上、より好ましくは90%以上、
10 さらに好ましくは95%以上、特に好ましくは97%以上、最も好ましくは99%以上である蛋白質であることをいう。

本発明の細胞を取得する方法としては、目的とするゲノムの改変を行うことができれば、いずれの手法でも用いることができるが、遺伝子工学的な手法が望ましい。その具体的な手法としては、

15 (a) α -1,6-フコース修飾酵素の遺伝子を標的とした遺伝子破壊の手法
(b) α -1,6-フコース修飾酵素についての突然変異を導入する手法などがあげられる。

また、N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンの6位とフコースの1位が α 結合した糖鎖構造を認識するレクチンに耐性な細胞株を選択する方法を用いることにより、本発明の細胞を選択することができる。

20 レクチンに耐性な細胞とは、レクチンを有効濃度与えたときにも、生育が阻害されない細胞をいう。有効濃度とは、ゲノム遺伝子がノックアウトされる以前の細胞（以下、親株細胞とも称す）が正常に生育できない濃度以上であり、好ましくは、ゲノム遺伝子がノックアウトされる以前の細胞が生育できない濃度と同濃度、より好ましくは2～5倍、さらに好ましくは10倍、最も好ましくは20倍以上である。

25 本発明において、生育が阻害されないレクチンの有効濃度は、細胞株に応じて適宜定めればよいが、通常10 μ g/ml～10mg/ml、好ましくは0.5mg/ml～2.0mg/mlである。

N-グリコシド結合糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンの6位とフコースの1位が α 結合した糖鎖構造を認識するレクチンとしては、該糖鎖構造を認識できるレクチンであれば、いずれのレクチンでも用いることができる。その具体的な例としては、レンズマメレクチンLC 30 A (Lens Culinaris由来のLentil Agglutinin) エンドウマメレクチンPSA (Pisum sativum 由来のPea Lectin)、ソラマメレクチンVFA (Vicia faba由来のAgglutinin)、ヒイロチャワンタケレクチンAAL (Aleuria aurantia由来のLectin)などがあげられる。

本発明の細胞としては、糖蛋白質を発現できる細胞であればいかなる細胞でもよいが、酵母、動物細胞、昆虫細胞、植物細胞などがあげられ、これらの細胞の具体的な例としては、後述の2.に記載のものがあげられる。動物細胞の具体例としては、チャイニーズハムスター卵巣組織由来のCHO細胞、ラットミエローマ細胞株YB2/3HL.P2.G11.16Ag.20細胞
35

、マウスミエローマ細胞株NS0細胞、マウスミエローマ細胞株SP2/0-Ag14細胞、シリアンハムスター腎臓組織由来BHK細胞、抗体を產生するハイブリドーマ細胞、ヒト白血病細胞株ナマル

バ細胞、胚性幹細胞、受精卵細胞などがあげられる。好ましくは、抗体などの糖蛋白質の製造に用いられる、上述のミエローマ細胞、ハイブリドーマ細胞、ヒト化抗体あるいはヒト抗体を製造するための宿主細胞、ヒト抗体を生産するヒト以外のトランスジェニック動物を製造するために用いる胚性幹細胞または受精卵細胞、ならびにヒト化抗体およびヒト抗体を生産するトランシジェニック植物を製造するために用いる植物細胞などがあげられる。

ゲノム遺伝子がノックアウトされる以前の細胞（以下、親株細胞とも称す）は、 α -1,6-フコース修飾酵素のゲノム遺伝子をノックアウトさせるための手法を施す前の細胞をいう。ゲノム遺伝子がノックアウトされる以前の細胞としては、特に限定はないが、例えば、ゲノム遺伝子がノックアウトされる以前の NS0 細胞としては、バイオ/テクノロジー(BIO/TECHNOLOGY), 10, 169 (1992)、バイオテクノロジー・バイオエンジニアリング(Biotechnol. Bioeng.), 73, 261, (2001)等の文献に記載されている NS0 細胞があげられる。また、理化学研究所細胞開発銀行に登録されている NS0 細胞株 (RCB0213)、あるいはこれら株を様々な無血清培地に馴化させた亜株などもあげられる。

ゲノム遺伝子がノックアウトされる以前の SP2/0-Ag14 細胞としては、ジャーナル・オブ・イムノロジー(J. Immunol.), 126, 317, (1981)、ネイチャー(Nature), 276, 269, (1978)、ヒューマン・アンティボディズ・アンド・ハイブリドーマズ(Human Antibodies and Hybridomas), 3, 129, (1992) 等の文献に記載されている SP2/0-Ag14 細胞があげられる。また、ATCC に登録されている SP2/0-Ag14 細胞 (ATCC CRL-1581) あるいはこれら株を様々な無血清培地に馴化させた亜株 (ATCC CRL-1581.1) などもあげられる。

ゲノム遺伝子がノックアウトされる以前のチャイニーズハムスター卵巣組織由来 CHO 細胞としては、Journal of Experimental Medicine, 108, 945 (1958)、Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 60, 1275 (1968)、Genetics, 55, 513 (1968)、Chromosoma, 41, 129 (1973)、Methods in Cell Science, 18, 115 (1996)、Radiation Research, 148, 260 (1997)、Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 77, 4216 (1980)、Proc. Natl. Acad. Sci., 60, 1275 (1968)、Cell, 6, 121 (1975)、Molecular Cell Genetics, Appendix I, II (p883-900)等の文献に記載されている CHO 細胞があげられる。また、ATCC に登録されている CHO-K1 株 (ATCC CCL-61)、DUXB11 株 (ATCC CRL-9096)、Pro-5 株 (ATCC CRL-1781) や、市販の CHO-S 株 (Lifetechnologies 社製 Cat#11619)、あるいはこれら株を様々な無血清培地に馴化させた亜株などもあげられる。

ゲノム遺伝子がノックアウトされる以前のラットミエローマ細胞株
YB2/3HL.P2.G11.16Ag.20 細胞としては、Y3/Ag1.2.3 細胞 (ATCC CRL-1631) から樹立された株化細胞が含まれる。その具体的な例としては、J. Cell. Biol., 93, 576 (1982)、Methods Enzymol. 73B, 1 (1981)等の文献に記載されている YB2/3HL.P2.G11.16Ag.20 細胞があげられる。また、ATCC に登録されている YB2/3HL.P2.G11.16Ag.20 細胞 (ATCC CRL-1662) あるいはこれら株を様々な無血清培地に馴化させた亜株などもあげられる。

本発明の細胞は、抗体などの糖蛋白質に付加される糖鎖構造のうち、フコースの修飾に関する酵素が欠失する。したがって、本発明の細胞に糖蛋白質をコードする遺伝子を含めた細胞では、生産された糖蛋白質がフコース修飾を受けず、その結果、高い生理活性を有する糖蛋白質組成物を無血清培養で安定に製造することができる。

高い生理活性を有する糖蛋白質組成物とは、受容体との親和性が向上する糖蛋白質組成物、血中の半減期が向上する糖蛋白質組成物、血中投与後の組織分布が変化する糖蛋白質組成物、薬理活性発現に必要な蛋白質との相互作用が向上する糖蛋白質組成物などをいう。

したがって、本発明の糖蛋白質組成物としては、ゲノム遺伝子がノックアウトされる以前の親株細胞で生産した場合、その產生蛋白質の糖鎖構造にフコースの修飾がある糖蛋白質であればいかなる糖蛋白質組成物も含有される。その具体的な例としては、抗体、エリスロポイエチン、トロンボポイエチン、組織型プラスミノーゲンアクチベータ、プロウロキナーゼ、トロンボモジュリン、アンチトロンビン III、プロテイン C、血液凝固因子 VII、血液凝固因子 VIII、血液凝固因子 IX、血液凝固因子 X、血液凝固因子 XII、性腺刺激ホルモン、甲状腺刺激ホルモン、上皮増殖因子 (EGF)、肝細胞増殖因子 (HGF)、ケラチノサイト増殖因子、アクチビン、骨形成因子、幹細胞因子 (SCF)、インターフェロン α 、インターフェロン β 、インターフェロン γ 、インターロイキン 2、インターロイキン 6、インターロイキン 10、インターロイキン 11、可溶性インターロイキン 4受容体、腫瘍壞死因子 α 、DnaseI、ガラクトシダーゼ、 α グルコシダーゼ、グルコセレブロシダーゼなどがあげられる。

フコース修飾のない糖鎖構造を有することで、その生理活性が大幅に上昇する糖蛋白質のより具体的な例としては、例えば、抗体組成物があげられる。

したがって、本発明の細胞は、ゲノム遺伝子がノックアウトされる以前の細胞が生産する抗体組成物より、高い ADCC 活性を有する抗体組成物を生産することができる。

また、本発明の細胞は、抗体組成物中に含まれる Fc 領域に結合する全 N-グリコシド結合複合型糖鎖のうち、糖鎖還元末端の N-アセチルグルコサミンとフコースが結合していない糖鎖の割合が、ゲノム遺伝子がノックアウトされる以前の細胞よりも高い抗体組成物を生産することができる。

抗体組成物とは、N-グリコシド結合複合型糖鎖を Fc 領域に有する抗体分子からなる組成物をいう。

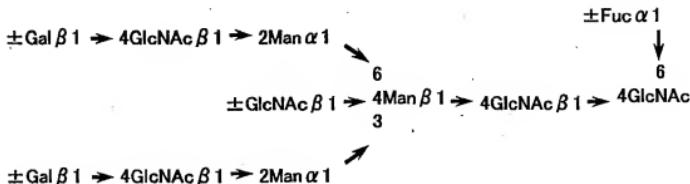
抗体は、重鎖、軽鎖の 2 種類のポリペプチド鎖がそれぞれ 2 分子ずつ会合した 4 量体である。重鎖の N 末端側の約 4 分の 1 と軽鎖の N 末端側の約 2 分の 1 (それぞれ 100 余アミノ酸) は可変領域と呼ばれ、多様性に富み、抗原との結合に直接関与する。可変領域以外の部分の大半は定常領域と呼ばれる。抗体分子は定常領域の相同性により IgG、IgM、IgA、IgD、IgE の各クラスに分類される。

また IgG クラスは定常領域の相同性により、さらに IgG1~IgG4 のサブクラスに分類される。重鎖は N 末端側より VH、CH1、CH2、CH3 の 4 つのイムノグロブリンドメインに分かれ、CH1 と CH2 の間にはヒンジ領域と呼ばれる可動性の高いペプチド領域があり、CH1 と CH2 とが区切られる。ヒンジ領域以降の CH2 と CH3 からなる構造単位は Fc 領域と呼ばれ、N-グリコシド結合糖鎖が結合している。また、この領域は、Fc レセプター、補体などが結合する領域である（免疫学イラストレイティッド原書第 5 版、2000 年 2 月 10 日発行、南江堂版、抗体工学入門、1994 年 1 月 25 日初版、地人書館）。

抗体などの糖蛋白質の糖鎖は、蛋白質部分との結合様式により、アスパラギンと結合する糖鎖 (N-グリコシド結合糖鎖) とセリン、スレオニンなどと結合する糖鎖 (O-グリコシル結合糖

鎖) の 2 種類に大別される。N-グリコシド結合糖鎖は、以下の化学式 1 に示す基本となる共通のコア構造を有する [生物化学実験法 23-糖蛋白質糖鎖研究法 (学会出版センター) 高橋禮子編 (1989 年)]。

化学式 1



5

化学式 1において、アスパラギンと結合する糖鎖の末端を還元末端、反対側を非還元末端という。

N-グリコシド結合糖鎖としては、化学式 1で示されるのコア構造を有するものがあげられ、コア構造の非還元末端にマンノースのみが結合するハイマンノース型、コア構造の非還元末端側にガラクトース-N-アセチルグルコサミン(以下、Gal-GlcNAc と表記する)の枝を並行して 1ないしは複数本有し、更に Gal-GlcNAc の非還元末端側にシアル酸、バイセクティングの N-アセチルグルコサミンなどの構造を有するコンプレックス型(複合型)、コア構造の非還元末端側にハイマンノース型とコンプレックス型の両方の枝を持つハイブリッド型などがあげられる。

抗体分子の Fc 領域には、N-グリコシド結合糖鎖が 1 力所ずつ結合する領域を有しているので、抗体 1 分子あたり 2 本の糖鎖が結合している。抗体分子に結合する N-グルコシド結合糖鎖としては、前記化学式 1 で示されるコア構造を含むいかなる糖鎖も包含されるので、抗体に結合する 2 本の N-グルコシド結合糖鎖には多数の糖鎖の組み合わせが存在することになる。

したがって、本発明の細胞を用いて製造される抗体組成物は、本発明の効果が得られる範囲であれば、単一の糖鎖構造を有する抗体分子から構成されていてもよいし、複数の異なる糖鎖構造を有する抗体分子から構成されていてもよい。そのような本発明により得られる抗体組成物として、好ましくは、抗体組成物中に含まれる Fc 領域に結合する全グリコシド結合複合型糖鎖のうち、糖鎖還元末端の N-アセチルグルコサミンにフコースが結合していない糖鎖の割合が、ゲノム遺伝子がノックアウトされる以前の親株細胞が生産する抗体組成物よりも高い抗体組成物があげられる。

抗体組成物中に含まれる Fc 領域に結合する全 N-グリコシド結合複合型糖鎖のうち、糖鎖還元末端の N-アセチルグルコサミンにフコースが結合していない糖鎖の割合とは、該組成物中に

含まれるFc領域に結合する全てのN-グリコシド結合複合型糖鎖の合計数に対して、糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンにフコースが結合していない糖鎖の数が占める割合をいう。

N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンにフコースが結合していない糖鎖とは、フコースが、N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンに α 結合していない糖鎖をいう。具体的には、フコースの1位がN-グリコシド結合複合型糖鎖のN-アセチルグルコサミンの6位に α 結合していない糖鎖があげられる。

本発明の抗体組成物中に含まれるFc領域に結合する全N-グリコシド結合複合型糖鎖のうち、糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンにフコースが結合していない糖鎖の割合としては、好みしくは20%以上、より好みしくは30%以上、さらに好みしくは40%以上、特に好みしくは50%以上、最も好みしくは100%である抗体組成物があげられる。

ゲノム遺伝子がノックアウトされる以前の細胞が生産する抗体組成物よりもADCC活性が高い抗体組成物としては、抗体組成物中に含まれるFc領域に結合する全N-グリコシド結合複合型糖鎖のうち、糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンにフコースが結合していない糖鎖の割合が、ゲノム遺伝子がノックアウトされる以前の細胞が生産する抗体組成物の該割合よりも高いものがあげられる。具体的には、該割合が2倍以上、好みしくは3倍以上、より好みしくは5倍以上、特に好みしくは10倍以上高い抗体組成物があげられ、抗体組成物中に含まれるFc領域に結合するN-グリコシド結合複合型糖鎖の全てが、糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンの6位にフコースの1位が結合していない糖鎖である抗体組成物が最も好みしい。

上述の糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンにフコースが結合していない糖鎖の割合が100%である抗体組成物、または抗体組成物中に含まれるFc領域に結合するN-グリコシド結合複合型糖鎖の全てが、糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンの6位にフコースの1位が結合していない糖鎖である抗体組成物としては、後述の6.に記載の糖鎖分析において、フコースが実質的に検出できない程度である場合をいう。実質的に検出できない程度とは、測定の検出限界以下であることをいう。

本発明により得られる抗体組成物において、Fc領域に結合する全N-グリコシド結合複合型糖鎖のうち、糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンにフコースが結合していない糖鎖の割合が、ゲノム遺伝子がノックアウトされる以前の細胞が生産する抗体組成物よりも高い場合、本発明により得られる抗体組成物は、親株細胞が生産する抗体分子からなる抗体組成物より高いADCC活性を有する。

ADCC活性とは、生体内で、腫瘍細胞等の細胞表面抗原などに結合した抗体が、抗体Fc領域とエフェクター細胞表面上に存在するFcレセプターとの結合を介してエフェクター細胞を活性化し、腫瘍細胞等を障害する活性をいう〔モノクローナル・アンティボディズ：プリンシップルズ・アンド・アプリケーションズ（Monoclonal Antibodies: Principles and Applications），Wiley-Liss, Inc., Chapter 2.1 (1995)〕。エフェクター細胞としては、キラー細胞、ナチュラルキラー細胞、活性化されたマクロファージ等があげられる。

N-グリコシド結合複合型糖鎖をFc領域に有する抗体分子からなる組成物中に含まれる、糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンにフコースが結合していない糖鎖の割合は、抗体分子からヒドラジン分解や酵素消化などの公知の方法[生物化学実験法 23—糖タンパク質糖鎖研究法

(学会出版センター) 高橋禮子編 (1989)]を用い、糖鎖を遊離させ、遊離させた糖鎖を蛍光標識又は同位元素標識し、標識した糖鎖をクロマトグラフィー法にて分離することによって決定することができる。また、遊離させた糖鎖を HPAED-PAD 法 [ジャーナル・オブ・リキッド・クロマトグラフィー (J. Liq. Chromatogr.) , 6, 1577 (1983)]で分析することによっても決定することができる。また、本発明の抗体としては、腫瘍関連抗原を認識する抗体、アレルギーあるいは炎症に関連する抗原を認識する抗体、循環器疾患に関連する抗原を認識する抗体、自己免疫疾患に関連する抗原を認識する抗体、またはウイルスあるいは細菌感染に関連する抗原を認識する抗体であることが好ましく、抗体のクラスは IgG が好ましい。

腫瘍関連抗原を認識する抗体としては、抗 GD2 抗体 (Anticancer Res., 13, 331, 1993)、抗 GD3 抗体 (Cancer Immunol. Immunother., 36, 260, 1993)、抗 GM2 抗体 (Cancer Res., 54, 1511, 1994)、抗 HER2 抗体 (Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 89, 4285, 1992)、抗 CD52 抗体 (Nature, 332, 323, 1988)、抗 MAGE 抗体 (British J. Cancer, 83, 493, 2000)、抗 HM1.24 抗体 (Molecular Immunol., 36, 387, 1999)、抗副甲状腺ホルモン関連蛋白 (PTH r P) 抗体 (Cancer, 88, 2909, 2000)、抗 FGF8 抗体 (Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 86, 9911, 1989) 抗塩基性纖維芽細胞増殖因子抗体、抗 FGF8 受容体抗体 (J. Biol. Chem., 265, 16455, 1990)、抗塩基性纖維芽細胞増殖因子受容体抗体、抗インスリン様増殖因子抗体 (J. Neurosci. Res., 40, 647, 1995)、抗インスリン様増殖因子受容体抗体 (J. Neurosci. Res., 40, 647, 1995)、抗 PMSA 抗体 (J. Urology, 160, 2396, 1998)、抗血管内皮細胞増殖因子抗体 (Cancer Res., 57, 4593, 1997) または抗血管内皮細胞増殖因子受容体抗体 (Oncogene, 19, 2138, 2000)、抗 CA125 抗体、抗 17-1A 抗体、抗インテグリン $\alpha\beta 3$ 抗体、抗 CD33 抗体、抗 CD22 抗体、抗 HLA 抗体、抗 HLA-DR 抗体、抗 CD20 抗体、抗 CD19 抗体、抗 EGF 受容体抗体 (Immunology Today, 21, 403, 2000)、抗 CD10 抗体 (American Journal of Clinical Pathology, 113, 374, 2000) などがあげられる。

アレルギーあるいは炎症に関連する抗原を認識する抗体としては、抗インターロイキン 6 抗体 (Immunol. Rev., 127, 5, 1992)、抗インターロイキン 6 受容体抗体 (Molecular Immunol., 31, 371, 1994)、抗インターロイキン 5 抗体 (Immunol. Rev., 127, 5, 1992)、抗インターロイキン 5 受容体抗体、抗インターロイキン 4 抗体 (Cytokine, 3, 562, 1991)、抗インターロイキン 4 受容体抗体 (J. Immunol. Meth., 217, 41, 1998)、抗腫瘍壞死因子抗体 (Hybridoma, 13, 183, 1994)、抗腫瘍壞死因子受容体抗体 (Molecular Pharmacol., 58, 237, 2000)、抗 CCR4 抗体 (Nature, 400, 776, 1999)、抗ケモカイン抗体 (J. Immunol. Meth., 174, 249, 1994)、抗ケモカイン受容体抗体 (J. Exp. Med., 186, 1373, 1997)、抗 IgE 抗体、抗 CD23 抗体、抗 CD11a 抗体 (Immunology Today, 21, 403, 2000)、抗 CRTH2 抗体 (J. Immunol., 162, 1278, 1999)、抗 CCR8 抗体 (W099/25734)、抗 CCR3 抗体 (US6207155) などがあげられる。

循環器疾患に関連する抗原を認識する抗体としては、抗 GpIIb/IIIa 抗体 (J. Immunol., 152, 2968, 1994)、抗血小板由来増殖因子抗体 (Science, 253, 1129, 1991)、抗血小板由来増殖因子受容体抗体 (J. Biol. Chem., 272, 17400, 1997) または抗血液凝固因子抗体 (Circulation, 101, 1158, 2000) などがあげられる。

自己免疫疾患 (具体的な例としては、乾癬、関節リウマチ、クローン病、潰瘍性大腸炎、全身性エリテマトーデス、多発性硬化症など) に関連する抗原を認識する抗体としては、抗自己

DNA 抗体 (Immunol. Letters, 72, 61, 2000)、抗 CD11a 抗体、抗 ICAM3 抗体、抗 CD80 抗体、抗 CD2 抗体、抗 CD3 抗体、抗 CD4 抗体、抗インテグリン $\alpha 4\beta 7$ 抗体、抗 CD40L 抗体、抗 IL-2 受容体抗体 (Immunology Today, 21, 403, 2000) などがあげられる。

ウイルスあるいは細菌感染に関連する抗原を認識する抗体としては、抗 gp120 抗体 (Structure, 8, 385, 2000)、抗 CD4 抗体 (J. Rheumatology, 25, 2065, 1998)、抗 CCR4 抗体、抗ペロ毒素抗体 (J. Clin. Microbiol., 37, 396, 1999) などがあげられる。

抗体分子としては、抗体のFc領域を含む分子であればいかなる分子も包含される。具体的には、抗体、抗体の断片、Fc領域を含む融合蛋白質などがあげられる。

抗体としては、外来抗原刺激の結果、免疫反応によって生体内に生産される蛋白質で、抗原と特異的に結合する活性を有するものであればいかなるものでもよいが、動物に抗原を免疫し、免疫動物の脾臓細胞より作製したハイブリドーマ細胞が分泌する抗体のほか、遺伝子組換え技術により作製された抗体、すなわち、抗体遺伝子を挿入した抗体発現ベクターを、宿主細胞へ導入することにより取得された抗体などがあげられる。具体的には、ハイブリドーマが生産する抗体、ヒト化抗体、ヒト抗体などをあげることができる。

ハイブリドーマは、ヒト以外の哺乳動物に抗原を免疫して取得されたB細胞と、マウス、ラット等に由来するミエローマ細胞とを細胞融合させて得られる、所望の抗原特異性を有したモノクローナル抗体を生産する細胞をいう。

ヒト化抗体としては、ヒト型キメラ抗体、ヒト型CDR移植抗体などがあげられる。

ヒト型キメラ抗体は、ヒト以外の動物の抗体重鎖可変領域（以下、可変領域はV領域としてHVまたはVHとも称す）および抗体軽鎖可変領域（以下、軽鎖はL鎖としてLVまたはVLとも称す）ヒト抗体の重鎖定常領域（以下、CHとも称す）およびヒト抗体の軽鎖定常領域（以下、CLとも称す）とからなる抗体を意味する。ヒト以外の動物としては、マウス、ラット、ハムスター、ラビット等、ハイブリドーマを作製することが可能であれば、いかなるものも用いることができる。

ヒト型キメラ抗体は、モノクローナル抗体を生産するハイブリドーマより、VHおよびVLをコードするcDNAを取得し、ヒト抗体CHおよびヒト抗体CLをコードする遺伝子を有する宿主細胞用発現ベクターにそれぞれ挿入してヒト型キメラ抗体発現ベクターを構築し、宿主細胞へ導入することにより発現させ、製造することができる。

ヒト型キメラ抗体のCHとしては、ヒトイムノグロブリン（以下、hIgと表記する）に属すればいかなるものでもよいが、hIgGクラスのものが好適であり、更にhIgGクラスに属するhIgG1、hIgG2、hIgG3、hIgG4といったサブクラスのいずれも用いることができる。また、ヒト型キメラ抗体のCLとしては、hIgに属すればいかなるものでもよく、κクラスあるいはλクラスのものを用いることができる。

ヒト型CDR移植抗体は、ヒト以外の動物の抗体のVHおよびVLのCDRのアミノ酸配列をヒト抗体のVHおよびVLの適切な位置に移植した抗体をいう。’

ヒト型CDR移植抗体は、ヒト以外の動物の抗体のVHおよびVLのCDR配列を任意のヒト抗体のVHおよびVLのCDR配列に移植したV領域をコードするcDNAを構築し、ヒト抗体のCHおよびヒト抗体のCLをコードする遺伝子を有する宿主細胞用発現ベクターにそれぞれ挿入してヒ

ト型 CDR 移植抗体発現ベクターを構築し、該発現ベクターを宿主細胞へ導入することによりヒト型 CDR 移植抗体を発現させ、製造することができる。

ヒト型 CDR 移植抗体の CH としては、hIg に属すればいかなるものでもよいが、hIgG クラスのものが好適であり、更に hIgG クラスに属する hIgG1、hIgG2、hIgG3、hIgG4 といったサブクラスのいずれも用いることができる。また、ヒト型 CDR 移植抗体の CL としては、hIg に属すればいかなるものでもよく、κ クラスあるいは入クラスのものを用いることができる。

ヒト抗体は、元来、ヒト体内に天然に存在する抗体をいうが、最近の遺伝子工学的、細胞工学的、発生工学的な技術の進歩により作製されたヒト抗体ファージライブラリーならびにヒト抗体生産トランスジェニック動物あるいはヒト抗体生産トランスジェニック植物から得られる抗体等も含まれる。

ヒト体内に存在する抗体は、例えば、ヒト末梢血リンパ球を単離し、EB ウィルス等を感染させ不死化、クローニングすることにより、該抗体を生産するリンパ球を培養でき、培養物中より該抗体を精製することができる。

ヒト抗体ファージライブラリーは、ヒト B 細胞から調製した抗体遺伝子をファージ遺伝子に挿入することにより Fab、一本鎖抗体等の抗体断片をファージ表面に発現させたライブラリーである。該ライブラリーより、抗原を固定化した基質に対する結合活性を指標として所望の抗原結合活性を有する抗体断片を発現しているファージを回収することができる。該抗体断片は、更に遺伝子工学的手法により、2 本の完全な H 鎮および 2 本の完全な L 鎮からなるヒト抗体分子へも変換することができる。

ヒト抗体生産トランスジェニック非ヒト動物は、ヒト抗体遺伝子が細胞内に組込まれた動物をいう。具体的には、マウス胚性幹細胞へヒト抗体遺伝子を導入し、該胚性幹細胞を他のマウスの初期胚へ移植後、発生させることによりヒト抗体生産トランスジェニック動物を作製することができる。また、動物の受精卵にヒト抗体遺伝子を導入し、該受精卵を発生させることにヒト抗体生産トランスジェニック動物を作製することもできる。ヒト抗体生産トランスジェニック動物からのヒト抗体の作製方法は、通常のヒト以外の哺乳動物で行われているハイブリドーマ作製方法によりヒト抗体生産ハイブリドーマを得、培養することで培養物中にヒト抗体を生産蓄積させることができる。

トランスジェニック非ヒト動物は、ウシ、ヒツジ、ヤギ、ブタ、ウマ、マウス、ラット、ニワトリ、サル又はウサギ等があげられる。

また、本発明において、抗体が、腫瘍関連抗原を認識する抗体、アレルギーあるいは炎症に関連する抗原を認識する抗体、循環器疾患に関連する抗原を認識する抗体、自己免疫疾患に関連する抗原を認識する抗体、またはウイルスあるいは細菌感染に関連する抗原を認識する抗体であることが好ましく、抗体のクラスが IgG のヒト抗体が好ましい。

抗体の断片とは、上記抗体の少なくとも Fc 領域の一部を含んだ断片をいう。Fc 領域とは、抗体の H 鎮の C 末端側の領域、CH2 領域および CH3 領域を意味し、天然型およびその変異型を包含する。少なくとも Fc 領域の一部とは、好ましくは CH2 領域を含む断片、より好ましくは CH2 領域内に存在する 1 番目のアスパラガン酸を含む領域をいう。IgG クラスの Fc 領域は、カバット (Kabat) らの EU Index [シーケンシズ・オブ・プロテインズ・オブ・イムノロジカル・

インターレスト (Sequences of Proteins of Immunological Interest) , 5th Ed., Public Health Service, National Institutes of Health, Bethesda, MD. (1991)]のナンパリングで 226 番目のシスティンから C 末端、あるいは 230 番目のプロリンから C 末端までを意味する。抗体の断片としては、具体的には、H 鎮の单量体、H 鎮の 2 量体などがあげられる。

5 Fc 領域を有する融合蛋白質としては、抗体の Fc 領域を含んだ抗体あるいは抗体の断片と、酵素、サイトカインなどの蛋白質とを融合させた物質（以下、Fc 融合蛋白質と称す）であればいかなるものでもよい。

以下、本発明を詳細に説明する。

1. 本発明の細胞の作製

10 本発明の細胞は、以下に述べる手法により作製することができる。

(1) 酵素の遺伝子を標的とした遺伝子破壊の手法

本発明の細胞は、 α -1,6-フコース修飾酵素のゲノム遺伝子を標的とし、遺伝子破壊の方法を用いることにより作製することができる。 α -1,6-フコース修飾酵素としては、具体的には、 α -1,6-フコシルトランスクレオチダーゼ、 α -L-フコシダーゼなどがあげられる。

15 遺伝子破壊の方法としては、標的とする酵素の遺伝子を破壊することができる方法であればいかなる方法も包含される。その例としては、相同組換え法、RNA-DNA oligonucleotide (RD O) 法、レトロウイルスを用いた方法、トランスポゾンを用いた方法等があげられる。以下これらを具体的に説明する。

(a) 相同組換え法による本発明の細胞の作製

20 本発明の細胞は、 α -1,6-フコース修飾酵素の遺伝子を標的とし、染色体上の標的遺伝子を相同組換え法を用い改変することによって作製することができる。

染色体上の標的遺伝子の改変は、Manipulating the Mouse Embryo A Laboratory Manual, Second Edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press (1994) (以下、「マニピュレイティング・ザ・マウス・エンブリオ・ア・ラボラトリー・マニュアル」と略す)、Gene Targeting, 25 A Practical Approach, IRL Press at Oxford University Press (1993)、バイオマニュアルシリーズ 8 ジーンターゲッティング、ES 細胞を用いた変異マウスの作製、羊乳社 (1995) (以下、「ES 細胞を用いた変異マウスの作製」と略す) 等に記載の染色体工学の手法を用い、例えば以下のように行うことができる。

α -1,6-フコース修飾酵素の c DNA を取得する。

30 取得した c DNA の塩基配列に基づき、 α -1,6-フコース修飾酵素のゲノム DNA を調製する。

該ゲノム DNA の塩基配列に基づき、改変する標的遺伝子（例えば、 α -1,6-フコース修飾酵素の構造遺伝子、あるいはプロモーター遺伝子）を相同組換えするためのターゲットベクターを作製する。

35 作製したターゲットベクターを宿主細胞に導入し、標的遺伝子とターゲットベクターの間で相同組換えを起こした細胞を選択することにより、本発明の細胞を作製することができる。

宿主細胞としては、酵母、動物細胞、昆虫細胞、植物細胞等、標的とする α -1,6-フコース修飾酵素の遺伝子を有しているものであればいずれも用いることができる。具体的には、後述の 2. に記載の細胞があげられる。

α -1, 6-フコース修飾酵素のcDNA及びゲノムDNAを取得する方法としては、例えば、以下に記載の方法があげられる。

cDNAの調製方法

各種宿主細胞から全RNA又はmRNAを調製する。

5 調製した全RNA又はmRNAからcDNAライブラリーを作製する。

α -1, 6-フコース修飾酵素の既知アミノ酸配列、例えばヒトのアミノ酸配列、に基づいて、デジネレイティブプライマーを作製し、作製したcDNAライブラリーを鑄型としてPCR法にて、 α -1, 6-フコース修飾酵素をコードする遺伝子断片を取得する。

10 取得した遺伝子断片をプローブとして用い、cDNAライブラリーをスクリーニングし、 α -1, 6-フコース修飾酵素をコードするcDNAを取得することができる。

各種宿主細胞のmRNAは、市販のもの(例えばClontech社)を用いてもよいし、以下のごとく各種宿主細胞から調製してもよい。各種宿主細胞から全RNAを調製する方法としては、チオシアン酸グアニジントリフルオロ酢酸セシウム法【メソップ・イン・エンザイモロジー(Methods in Enzymology), 154, 3 (1987)】、酸性チオシアン酸グアニジン・フェノール・クロロホルム(AGPC)法【アナリティカル・バイオケミストリー(Aalytical Biochemistry), 162, 156 (1987); 実験医学, 9, 1937 (1991)】などがあげられる。

また、全RNAからpoly(A)⁺RNAとしてmRNAを調製する方法としては、オリゴ(dT)固定化セルロースカラム法(モレキュラー・クローニング第2版)等があげられる。

さらに、Fast Track mRNA Isolation Kit (Invitrogen社)、Quick Prep mRNA

20 Purification Kit (Pharmacia社)などのキットを用いることによりmRNAを調製することができる。

次に、調製した各種宿主細胞mRNAからcDNAライブラリーを作製する。cDNAライブラリー作製法としては、モレキュラー・クローニング第2版、カレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー、A Laboratory Manual, 2nd Ed. (1989)等に記載された方法、あるいは市販のキット、例えばSuperScript Plasmid System for cDNA Synthesis and Plasmid Cloning (Life Technologies社)、ZAP-cDNA Synthesis Kit (STRATAGENE社)を用いる方法などがあげられる。

cDNAライブラリーを作製するためのクローニングベクターとしては、大腸菌K12株中で自立複製できるものであれば、ファージベクター、プラスミドベクター等いずれでも使用できる。具体的には、ZAP Express [STRATAGENE社、ストラテジーズ(Strategies), 5, 58 (1992)]、pBluescript II SK(+) [スクレイック・アッシュ・リサーチ(Nucleic Acids Research), 17, 9494 (1989)]、Lambda ZAP II (STRATAGENE社)、 λ gt10、 λ gt11 [ディーエヌエー・クローニング・ア・プラクティカル・アプローチ(DNA cloning, A Practical Approach), 1, 49 (1985)]、 λ TriplEx (Clontech社)、 λ ExCell (Pharmacia社)、pT7T318U (Pharmacia社)、pcD2 [モレキュラー・セルラー・バイオロジー(Mol. Cell. Biol.), 3, 280 (1983)] およびpUC18 [ジーン(Gene), 33, 103 (1985)]等をあげることができる。

cDNAライブラリーを作製するための宿主微生物としては、微生物であればいずれでも用いることができるが、好ましくは大腸菌が用いられる。具体的には、Escherichia coli XLI-Blue

MRF' [STRATAGENE 社、ストラテジーズ(Strategies), 5, 81 (1992)]、Escherichia coli C600 [ジェネティクス(Genetics), 39, 440 (1954)]、Escherichia coli Y1088 [サイエンス(Science), 222, 778 (1983)]、Escherichia coli Y1090 [サイエンス(Science), 222, 778 (1983)]、Escherichia coli NM522 [ジャーナル・オブ・モレキュラー・バイオロジー(J. Mol. Biol.), 166, 5 1 (1983)]、Escherichia coli K802 [ジャーナル・オブ・モレキュラー・バイオロジー(J. Mol. Biol.), 16, 118 (1966)] およびEscherichia coli JM105 [ジーン(Gene), 38, 275 (1985)] 等が用いられる。

このc DNAライブラリーを、そのまま以降の解析に用いてもよいが、不完全長c DNAの割合を下げ、なるべく完全長c DNAを効率よく取得するために、菅野らが開発したオリゴキヤップ法[ジーン(Gene), 138, 171 (1994); ジーン(Gene), 200, 149 (1997); 蛋白質核酸酵素, 41, 603 (1996); 実験医学, 11, 2491 (1993); c DNAクローニング(羊土社)(1996); 遺伝子ライブラリーの作製法(羊土社)(1994)]を用いて調製したc DNAライブラリーを以下の解析に用いてもよい。

α -1, 6-フコース修飾酵素のアミノ酸配列に基づいて、該アミノ酸配列をコードすることが予測される塩基配列の5'端および3'端の塩基配列に特異的なデジネレレイティプライマーを作製し、作製したc DNAライブラリーを鑄型としてPCR法[ピーシーアール・プロトコルズ(PCR Protocols), Academic Press (1990)]を用いてDNAの増幅を行うことにより、 α -1, 6-フコース修飾酵素をコードする遺伝子断片を取得することができる。

取得した遺伝子断片が α -1, 6-フコース修飾酵素をコードするDNAであることは、通常用いられる塩基配列解析方法、例えばサンガー(Sanger)らのジデオキシ法[プロシーディングス・オブ・ザ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンス(Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.), 74, 5463 (1977)]あるいはABI PRISM377 DNA シークエンサー(PE Biosystems社製)等の塩基配列分析装置を用いて分析することにより、確認することができる。

該遺伝子断片をDNAプローブとして、各種宿主細胞に含まれるmRNAから合成したc DNAあるいはc DNAライブラリーに対してコロニーハイブリダイゼーションやブラークハイブリダイゼーション(モレキュラー・クローニング第2版)を行うことにより、 α -1, 6-フコース修飾酵素のDNAを取得することができる。

また、 α -1, 6-フコース修飾酵素をコードする遺伝子断片を取得するために用いたプライマーを用い、各種宿主細胞に含まれるmRNAから合成したc DNAあるいはc DNAライブラリーを鑄型として、PCR法を用いてスクリーニングを行うことにより、 α -1, 6-フコース修飾酵素のDNAを取得することもできる。

取得した α -1, 6-フコース修飾酵素をコードするDNAの塩基配列を末端から、通常用いられる塩基配列解析方法、例えばサンガー(Sanger)らのジデオキシ法[プロシーディングス・オブ・ザ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンス(Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.), 74, 5463 (1977)]あるいはABI PRISM377 DNA シークエンサー(PE Biosystems社製)等の塩基配列分析装置を用いて分析することにより、該DNAの塩基配列を決定する。

決定したc DNAの塩基配列をもとに、BLAST等の相同性検索プログラムを用いて、GenBank、EMBLおよびDDBJなどの塩基配列データベースを検索することにより、

データベース中の遺伝子の中でGDP-マンノースを α -1, 6-フコース修飾酵素をコードしている遺伝子を決定することもできる。

上記の方法で得られる α -1, 6-フコース修飾酵素をコードしている遺伝子の塩基配列としては、例えば、配列番号1、2、3または4に記載の塩基配列があげられる。

5 決定されたDNAの塩基配列に基づいて、フォスフォアミダイト法を利用したバーキン・エルマー社のDNA合成機 model 392 等のDNA合成機で化学合成することにより、 α -1, 6-フコース修飾酵素のcDNAを取得することもできる。

α -1, 6-フコース修飾酵素のゲノムDNAを調製する方法としては、例えば、以下に記載の方法があげられる。

10 ゲノムDNAの調製方法

ゲノムDNAを調製する方法としては、モレキュラー・クローニング第2版やカレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー等に記載された公知の方法があげられる。

また、ゲノムDNAライブラリースクリーニングシステム (Genome Systems社) や Universal GenomeWalker™ Kits (CLONTECH社)などを用いることにより、 α -1, 6-フコース修飾酵素のゲノムDNAを単離することもできる。

上記の方法で得られる α -1, 6-フコース修飾酵素のゲノムDNAの塩基配列として、例えば配列番号9に記載の塩基配列があげられる。

標的遺伝子を相同組換えするためのターゲットベクターは、Gene Targeting, A Practical Approach, IRL Press at Oxford University Press (1993)、ES細胞を用いた変異マウスの作製(羊土社)等に記載の方法にしたがって作製することができる。ターゲットベクターは、リプレースメント型、インサーション型いいずれでも用いることができる。

各種宿主細胞へのターゲットベクターの導入には、後述の2.に記載の各種細胞に適した組換えベクターの導入方法を用いることができる。

相同組換え体を効率的に選別する方法として、例えば、Gene Targeting, A Practical Approach, IRL Press at Oxford University Press (1993)、ES細胞を用いた変異マウスの作製(羊土社)等に記載のポジティブ選択、プロモーター選択、ネガティブ選択、ポリア選択などの方法を用いることができる。選別した細胞株の中から目的とする相同組換え体を選択する方法としては、ゲノムDNAに対するザザンハイブリダイゼーション法(モレキュラー・クローニング第2版)やPCR法 [ビーシーアール・プロトコールズ(PCR Protocols), Academic Press (1990)] 等があげられる。

また、 α -1, 6-フコース修飾酵素の活性の変化を指標として、相同組換え体を取得することもできる。具体的な方法としては、例えば、以下に記載の形質転換体を選択する方法があげられる。

形質転換体を選択する方法

35 α -1, 6-フコース修飾酵素のゲノム遺伝子がノックアウトされた細胞を選択する方法としては、文献[新生化学実験講座3—糖質I, 糖タンパク質(東京化学同人)日本生化学会編(1988)]、文献[細胞工学, 別冊, 実験プロトコールシリーズ, グライコバイオロジー実験プロトコール, 糖タンパク質・糖脂質・プロテオグリカン(秀潤社製)谷口直之・鈴木明美・古川清・菅原一幸

監修(1996)]、モレキュラー・クローニング第2版、カレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー等に記載された生化学的な方法あるいは遺伝子工学的な方法などがあげられる。生化学的な方法としては、例えば、酵素特異的な基質を用いて酵素活性を評価する方法があげられる。遺伝子工学的な方法としては、例えば、酵素遺伝子のmRNA量を測定するノーザン解析やRT-PCR法等があげられる。

また、 α -1, 6-フコース修飾酵素のゲノム遺伝子がノックアウトされた結果生じる形質の変化を指標に細胞を選択する方法としては、例えば、产生抗体分子の糖鎖構造を指標として形質転換体を選択する方法や、細胞表面上の糖蛋白質の糖鎖構造を指標として形質転換体を選択する方法などがあげられる。产生抗体分子の糖鎖構造を指標として形質転換体を選択する方法としては、後述の6.に記載の方法があげられる。細胞表面上の糖蛋白質の糖鎖構造を指標として形質転換体を選択する方法としては、N-アセチルグルコサミンの6位とフコースの1位が α 結合した糖鎖構造を認識するレクチンに耐性である株を選択する手法を挙げることができる。その具体的な例としては、ソマティク・セル・アンド・モレキュラー・ジェネティクス(Somatic Cell Mol. Genet.)、12, 51, (1986)等に記載のレクチンを用いた方法があげられる。

レクチンとしては、N-アセチルグルコサミンの6位とフコースの1位が α 結合した糖鎖構造を認識するレクチンであればいずれのレクチンでも用いることができるが、レンズマメレクチンLCA(Lens Culinaris由来のLentil Agglutinin)、エンドウマメレクチンPSA(Pisum sativum由来のPea Lectin)、ソラマメレクチンVFA(Vicia faba由来のAgglutinin)、ヒイロチャワントケレクチンAAL(Aleuria aurantia由来のLectin)等が好ましい。

具体的には、数十 μ g/ml～数mg/ml、好ましくは0.5～2.0mg/mlの濃度の上述のレクチンを含む培地にて1日～2週間、好ましくは3日～1週間培養し、生存している細胞を継代培養あるいはコロニーをピックアップし別の培養器に移し、さらに引き続きレクチンを含む培地で培養を続けることで、本発明の細胞を選択することができる。

(b) RDO法による本発明の細胞の作製

本発明の細胞は、 α -1, 6-フコース修飾酵素の遺伝子を標的とし、RDO法を用い、例えば、以下のように作製することができる。

α -1, 6-フコース修飾酵素のcDNAあるいはゲノムDNAを調製する。

30 調製したcDNAあるいはゲノムDNAの塩基配列を決定する。

決定したDNAの配列に基づき、 α -1, 6-フコース修飾酵素をコードする部分、非翻訳領域の部分あるいはインtron部分を含む適当な長さのRDOのコンストラクトを設計し合成する。

合成したRDOを宿主細胞に導入し、標的とした酵素、すなわち α -1, 6-フコース修飾酵素に変異が生じた形質転換体を選択することにより、本発明の細胞を作製することができる。

35 宿主細胞としては、酵母、動物細胞、昆虫細胞、植物細胞等、標的とする α -1, 6-フコース修飾酵素の遺伝子を有しているものであればいずれも用いることができる。具体的には、後述の2.に記載の宿主細胞があげられる。

各種宿主細胞へのRDOの導入には、後述の2.に記載の各種宿主細胞に適した組み換えベクターの導入方法を用いることができる。

α -1,6-フコース修飾酵素のcDNAを調製する方法としては、例えば、上記1の(1)の(a)に記載の「cDNAの調製方法」などがあげられる。

5 α -1,6-フコース修飾酵素のゲノムDNAを調製する方法としては、例えば、上記1の(1)の(a)に記載の「ゲノムDNAの調製方法」などがあげられる。

DNAの塩基配列は、適当な制限酵素などで切断後、pBluescript SK(-) (Stratagene社製)等のプラスミドにクローニングし、通常用いられる塩基配列解析方法、例えば、サンガー

10 (Sanger) らのジデオキシ法 [プロシーディングス・オブ・ザ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンス (Proc. Natl. Acad. Sci., U.S.A.), 74, 5463 (1977)] 等の反応を行い、塩基配列自動分析装置、例えば、A. L. F. DNA シークエンサー (Pharmacia社製) 等を用いて解析することであ該DNAの塩基配列を決定することができる。

RDOは、常法またはDNA合成機を用いることにより調製することができる。

15 RDOを宿主細胞に導入し、標的とした酵素、 α -1,6-フコース修飾酵素の遺伝子に変異が生じた細胞を選択する方法としては、モレキュラー・クローニング第2版、カレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー等に記載された染色体上の遺伝子の変異を直接検出する方法があげられる。

また、上記1の(1)の(a)に記載の、 α -1,6-フコース修飾酵素の活性の変化を指標とした「形質転換体を選択する方法」を用いることもできる。

20 RDOのコンストラクトは、サイエンス(Science), 273, 1386, (1996); ネイチャー・メディシン(Nature Medicine), 4, 285, (1998); ヘパトロジー(Hepatology), 25, 1462, (1997); ジーン・セラピー(Gene Therapy), 5, 1960, (1999); ジーン・セラピー(Gene Therapy), 5, 1960, (1999); ジャーナル・オブ・モレキュラー・メディシン(J. Mol. Med.), 75, 829, (1997); プロシーディングス・オブ・ザ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンス(Proc. Natl. Acad. Sci. USA), 96, 8774, (1999); プロシーディングス・オブ・ザ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンス(Proc. Natl. Acad. Sci. USA), 96, 8768, (1999); ヌクレオタード・リサーチ(Nuc. Acids. Res.), 27, 1323, (1999); インベスティゲーション・オブ・ダーマトロジー(Invest. Dermatol.), 111, 1172, (1998); ネイチャー・バイオテクノロジー(Nature Biotech.), 16, 1343, (1998); ネイチャー・バイオテクノロジー(Nature Biotech.), 18, 43, (2000); ネイチャー・バイオテクノロジー(Nature Biotech.), 18, 555, (2000)等の記載に従って設計することができる。

(c) トランスポゾンを用いた方法による、本発明の細胞の作製

本発明の細胞は、ネイチャー・ジェネティク(Nature Genet.), 25, 35, (2000)等に記載のトランスポゾンのシステムを用い、 α -1,6-フコース修飾酵素の活性、あるいは产生抗体分子または細胞膜上の糖蛋白質の糖鎖構造を指標に突然変異体を選択することで、本発明の細胞を作製することができる。

トランスポゾンのシステムとは、外来遺伝子をランダムに染色体上に挿入させることで突然変異を誘発させるシステムであり、通常、トランスポゾンに挿まれた外来遺伝子を、突然変異

を誘発させるベクターとして用い、この遺伝子を染色体上にランダムに挿入させるためのトランスポゼースの発現ベクターを同時に細胞の中に導入する。

トランスポゼースは、用いるトランスポゾンの配列に適したものであればいかなるものも用いることができる。

5 外来遺伝子としては、細胞のDNAに変異を誘起するものであればいかなる遺伝子も用いることができる。

細胞としては、酵母、動物細胞、昆虫細胞、植物細胞等、標的とする α -1,6-フコース修飾酵素の遺伝子を有しているものであればいずれも用いることができる。具体的には、後述の2.に記載の宿主細胞があげられる。

10 細胞への遺伝子の導入には、後述の2.に記載の各種宿主細胞に適した組み換えベクターの導入方法を用いることができる。

α -1,6-フコース修飾酵素の活性を指標として突然変異体を選択する方法としては、例えば、上記1の(1)の(a)に記載の、 α -1,6-フコース修飾酵素の活性の変化を指標とした「形質転換体を選択する方法」があげられる。

15 (2) 酵素についての突然変異を導入する手法

本発明の細胞は、 α -1,6-フコース修飾酵素の遺伝子について突然変異を導入し、該酵素に突然変異を生じた所望の細胞株を選択する手法を用いることにより作製することができる。

α -1,6-フコース修飾酵素としては、具体的には、 α -1,6-フコシルトランスフェラーゼ、 α -L-フコシダーゼなどがあげられる。

20 具体的には、1) 突然変異誘発処理で親株細胞を処理した突然変異体あるいは自然発的に生じた突然変異体から、 α -1,6-フコース修飾酵素の活性の変化を指標として所望の細胞株を選択する方法、2) 突然変異誘発処理で親株を処理した突然変異体あるいは自然発的に生じた突然変異体から、生産抗体分子の糖鎖構造を指標として所望の細胞株を選択する方法、3) 突然変異誘発処理で親株細胞を処理した突然変異体あるいは自然発的に生じた突然変異体から、該細胞の細胞膜上の糖蛋白質の糖鎖構造を指標として所望の細胞株を選択する方法などがあげられる。

突然変異誘発処理としては、親株細胞のDNAに点突然変異、欠失あるいはフレームシフト突然変異を誘起するものであればいかなる処理も用いることができる。具体的には、エチルニトロソウレア、ニトロソグアニジン、ベンゾピレン、アクリジン色素による処理、放射線の照射などがあげられる。また、種々のアルキル化剤や発癌物質も突然変異誘発物質として用いることができる。突然変異誘発物質を細胞に作用させる方法としては、例えば、組織培養の技術 第三版(朝倉書店)日本組織培養学会編(1996)、ネイチャー・ジェネティクス(Nature Genet.), 24, 314, (2000)等に記載の方法を挙げることができる。

35 自然発的に生じた突然変異体としては、特別な突然変異誘発処理を施さないで、通常の細胞培養の条件で継代培養を続けることによって自然発的に生じる突然変異体を挙げることができる。

α -1,6-フコース修飾酵素の活性の変化を指標として所望の細胞株を選択する方法、生産抗体分子の糖鎖構造を指標として所望の細胞株を選択する方法、細胞膜上の糖蛋白質の糖鎖構造を

指標として所望の細胞株を選択する方法としては、例えば、上記1の(1)の(a)に記載の、 α -1, β -フコース修飾酵素の活性の変化を指標とした「形質転換体を選択する方法」があげられる。

2. 抗体組成物を例とした糖蛋白質の製造方法

5 抗体組成物の製造を例に、本発明の細胞を用いた糖蛋白質の製造方法を示す。

抗体組成物は、モレキュラー・クローニング第2版、カレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー、Antibodies, A Laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory, 1988 (以下、アンチボディズと略す)、Monoclonal Antibodies: principles and practice, Third Edition, Acad. Press, 1993 (以下、モノクローナルアンチボディズと略す)、Antibody

10 Engineering, A Practical Approach, IRL Press at Oxford University Press, 1996 (以下、アンチボディエンジニアリングと略す) 等に記載された方法を用い、例えば、以下のように抗体分子をコードする遺伝子を導入する宿主細胞中で発現させて取得することができる。

抗体分子のcDNAを調製する。

調整した抗体分子の全長cDNAをもとにして、必要に応じて、該蛋白質をコードする部分15 を含む適當な長さのDNA断片を調製する。

該DNA断片、または全長cDNAを適當な発現ベクターのプロモーターの下流に挿入することにより、組換えベクターを作製する。

該組換えベクターを、該発現ベクターに適合した宿主細胞に導入することにより、本発明の抗体組成物を生産する形質転換体を得ることができる。

20 cDNAは、上記1の(1)の(a)に記載の「cDNAの調製方法」に従い、ヒト又は非ヒト動物の組織又は細胞より、目的とする抗体分子に特異的なプローブプライマーを用いて調製することができる。

酵母を宿主細胞として用いる場合には、発現ベクターとして、例えば、YEPl3 (ATCC37115)、YEpl24 (ATCC37051)、YCP50 (ATCC37419) 等をあげることができる。

25 プロモーターとしては、酵母菌株中で発現できるものであればいずれのものを用いてもよく、例えば、ヘキソースキナーゼ等の解糖系の遺伝子のプロモーター、PHO5プロモーター、PGKプロモーター、GAPプロモーター、ADHプロモーター、gal 1プロモーター、gal 10プロモーター、ヒートショックタンパク質プロモーター、MFA1プロモーター、CUP1プロモーター等をあげることができる。

30 宿主細胞としては、サッカロミセス属、シゾサッカロミセス属、クリュイベロミセス属、トリコスボロン属、シュワニオミセス属等に属する微生物、例えば、Saccharomyces cerevisiae、Schizosaccharomyces pombe、Kluyveromyces lactis、Trichosporon pullulans、Schwanniomyces alluvius等をあげることができる。

組換えベクターの導入方法としては、酵母にDNAを導入する方法であればいずれも用いることができ、例えば、エレクトロポレーション法 [メソッズ・エンザイモロジー (Methods. Enzymol.), 194, 182 (1990)]、スフェロプラスト法 [プロシーディングス・オブ・ザ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンス (Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A), 84, 1929 (1978)]、酢酸リチウム法 [ジャーナル・オブ・バクテリオロジー (J. Bacteriology), 153, 163 (1983)]、

プロシーディングス・オブ・ザ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンス (Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.), 75, 1929 (1978)] に記載の方法等をあげることができる。

動物細胞を宿主として用いる場合には、発現ベクターとして、例えば、pCDNA1、pCDM8 (フナコシ社より市販)、pAGE107 [特開平3-22979; サイトテクノロジー (Cytotechnology), 5, 3, 133, (1990)]、pAS3-3 [特開平2-227075]、pCDM8 [ネイチャー (Nature), 329, 840, (1987)]、pcDNA1/Amp (Invitrogen社)、pREP4 (Invitrogen社)、pAGE103 [ジャーナル・オブ・バイオケミストリー (J. Biochemistry), 101, 1307 (1987)]、pAGE210 等をあげることができる。

プロモーターとしては、動物細胞中で発現できるものであればいずれも用いることができ、例えば、サイトメガロウイルス (CMV) の IE (immediate early) 遺伝子のプロモーター、SV40 10 の初期プロモーター、レトロウイルスのプロモーター、メタロチオネインプロモーター、ヒートショックプロモーター、S R α プロモーター等をあげることができる。また、ヒト CMV の IE 遺伝子のエンハンサーをプロモーターと共に用いてもよい。

宿主細胞としては、ヒトの細胞であるナマルバ (Namalwa) 細胞、サルの細胞である COS 細胞、チャイニーズ・ハムスターの細胞である CHO 細胞、HBT5637 (特開昭63-299)、ラットミエローマ細胞、マウスミエローマ細胞、シリアンハムスター腎臓由来細胞、胚性幹細胞、受精卵細胞等をあげることができる。

組換えベクターの導入方法としては、動物細胞に DNA を導入する方法であればいずれも用いることができ、例えば、エレクトロポレーション法 [サイトテクノロジー (Cytotechnology), 3, 133 (1990)]、リン酸カルシウム法 [特開平2-227075]、リポフェクション法 [プロシーディングス・オブ・ザ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンス (Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.), 84, 7413 (1987)]、インジェクション法 [マニピュレーティング・マウス・エンブリオ第2版]、パーティクルガン (遺伝子銃) を用いる方法 [特許第2606856、特許第2517813]、DEAE-デキストラン法 [バイオマニュアルシリーズ4—遺伝子導入と発現・解析法 (羊土社) 横田崇・新井賢一編(1994)]、ウイルスベクター法 [マニピュレーティング・マウス・エンブリオ第2版] 等をあげることができる。

昆虫細胞を宿主として用いる場合には、例えばカレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー Baculovirus Expression Vectors, A Laboratory Manual, W. H. Freeman and Company, New York (1992)、バイオ/テクノロジー (Bio/Technology), 6, 47 (1988) 等に記載された方法によって、タンパク質を発現することができる。

即ち、組換え遺伝子導入ベクターおよびバキュロウイルスを昆虫細胞に共導入して昆虫細胞培養上清中に組換えウイルスを得た後、さらに組換えウイルスを昆虫細胞に感染させ、タンパク質を発現させることができる。

該方法において用いられる遺伝子導入ベクターとしては、例えば、pVL1392、pVL1393、pBlueBacIII (ともに Invitrogen 社) 等をあげることができる。

バキュロウイルスとしては、例えば、夜盜蛾科昆虫に感染するウイルスであるアウトグラファ・カリフォルニア・ヌクレア・ボリヘドロシス・ウイルス (Autographa californica nuclear polyhedrosis virus) 等を用いることができる。

昆虫細胞としては、Spodoptera frugiperdaの卵巣細胞である Sf9、Sf21〔カレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー-Baculovirus Expression Vectors, A Laboratory Manual, W. H. Freeman and Company, New York (1992)〕、Trichoplusianiの卵巣細胞である High 5 (Invitrogen 社) 等を用いることができる。

5 組換えウイルスを調製するための、昆虫細胞への上記組換え遺伝子導入ベクターと上記バキュロウイルスの共導入方法としては、例えば、リン酸カルシウム法（特開平 2-227075）、リポフェクション法〔プロシーディングス・オブ・ザ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンス(Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.), 84, 7413 (1987)〕等をあげることができる。

植物細胞を宿主細胞として用いる場合には、発現ベクターとして、例えば、T i プラスミド、
10 タバコモザイクウイルスベクター等をあげることができる。

プロモーターとしては、植物細胞中で発現できるものであればいずれのものを用いてもよく、
例えば、カリフラワーモザイクウイルス (CaMV) の 35S プロモーター、イネアクチン 1 プロモーター等をあげることができる。

宿主細胞としては、タバコ、ジャガイモ、トマト、ニンジン、ダイズ、アブラナ、アルファルファ、イネ、コムギ、オオムギ等の植物細胞等をあげることができる。
15

組換えベクターの導入方法としては、植物細胞にDNAを導入する方法であればいずれも用いることができ、例えば、アグロバクテリウム (*Agrobacterium*) [特開昭 59-140885、特開昭 60-70080, WO94/00977]、エレクトロポレーション法 [特開昭 60-251887]、パーティクルガン (遺伝子銃) を用いる方法 [日本特許第 2606856、日本特許第 2517813] 等をあげができる。
20

遺伝子の発現方法としては、直接発現以外に、モレキュラー・クローニング第 2 版に記載されている方法等に準じて、分泌生産、Fc 領域と他の蛋白質との融合蛋白質発現等を行うことができる。

糖鎖の合成に関与する遺伝子を導入した、酵母、動物細胞、昆虫細胞または植物細胞等により発現させた場合には、導入した遺伝子によって所望の糖あるいは糖鎖が付加された抗体分子を得ることができる。
25

以上のようにして得られる形質転換体を培地に培養し、培養物中に抗体分子を生成蓄積させ、該培養物から採取することにより、抗体組成物を製造することができる。形質転換体を培地に培養する方法は、宿主細胞の培養に用いられる通常の方法に従って行うことができる。

30 酵母を宿主として得られた形質転換体を培養する培地としては、該生物が資化し得る炭素源、窒素源、無機塩類等を含有し、形質転換体の培養を効率的に行える培地であれば天然培地、合培地のいずれを用いてもよい。

炭素源としては、該生物が資化し得るものであればよく、グルコース、フラクトース、スクロース、これらを含有する糖蜜、デンプンあるいはデンプン加水分解物等の炭水化物、酢酸、
35 プロピオン酸等の有機酸、エタノール、プロパノールなどのアルコール類等を用いることができる。

窒素源としては、アンモニア、塩化アンモニウム、硫酸アンモニウム、酢酸アンモニウム、
リノ酸アンモニウム等の無機酸もしくは有機酸のアンモニウム塩、その他の含窒素化合物、な

らびに、ペプトン、肉エキス、酵母エキス、コーンスチーブリカーカゼイン加水分解物、大豆粉および大豆粕加水分解物、各種発酵菌体およびその消化物等を用いることができる。

無機塩類としては、リン酸第一カリウム、リン酸第二カリウム、リン酸マグネシウム、硫酸マグネシウム、塩化ナトリウム、硫酸第一鉄、硫酸マンガン、硫酸銅、炭酸カルシウム等を用いることができる。
5

培養は、通常振盪培養または深部通気攪拌培養などの好気的条件下で行う。培養温度は15～40℃がよく、培養時間は、通常16時間～7日間である。培養中のpHは3.0～9.0に保持する。pHの調製は、無機または有機の酸、アルカリ溶液、尿素、炭酸カルシウム、アンモニアなどを用いて行う。

10 また、培養中必要に応じて、アンピシリンやテトラサイクリン等の抗生物質を培地に添加してもよい。

プロモーターとして誘導性のプロモーターを用いた組換えベクターで形質転換した微生物を培養するときには、必要に応じてインデューサーを培地に添加してもよい。例えば、*lac*プロモーターを用いた組換えベクターで形質転換した微生物を培養するときにはイソプロピル-β-D-チオガラクトビラノシド等を、*trp*プロモーターを用いた組換えベクターで形質転換した微生物を培養するときにはインドールアクリル酸等を培地に添加してもよい。
15

動物細胞を宿主として得られた形質転換体を培養する培地としては、一般に使用されている RPMI1640 培地 [ザ・ジャーナル・オブ・ザ・アメリカン・メディカル・アソシエイション (The Journal of the American Medical Association), 199, 519 (1967)] 、Eagle の MEM 培地 [サイエンス (Science), 122, 501 (1952)] 、ダルベッコ改変 MEM 培地 [Virology], 8, 396 (1959) 、199培地 [プロシーディング・オブ・ザ・ソサイエティ・フォア・ザ・バイオロジカル・メディスン (Proceeding of the Society for the Biological Medicine), 73, 1 (1950)] 、Whitten 培地 [発生工学実験マニュアルトランシジェニック・マウスの作り方 (講談社) 勝木元也編 (1987)] またはこれら培地にインスリン、インスリン様増殖因子、トランスフェリン、アルブミン等を添加した培地等を用いることができる。
20

培養は、通常 pH 6～8、30～40℃、5%CO₂存在下等の条件下で1～7日間行う。フェドバッ奇培養、ホロファイバー培養などの培養法を用いて1日～数ヶ月培養を行うこともできる。

30 また、培養中必要に応じて、カナマイシン、ペニシリン等の抗生物質を培地に添加してもよい。

昆虫細胞を宿主として得られた形質転換体を培養する培地としては、一般に使用されている TNM-FH 培地 (Pharmingen 社) 、Sf-900 II SFM 培地 (Life Technologies 社) 、ExCell1400 、ExCell1405 (いずれも JRH Biosciences 社) 、Grace's Insect Medium [ネイチャー (Nature), 195, 788 (1962)] 等を用いることができる。

35 培養は、通常 pH 6～7、25～30℃等の条件下で、4～5日間行う。

また、培養中必要に応じて、ゲンタマイシン等の抗生物質を培地に添加してもよい。

植物細胞を宿主として得られた形質転換体は、細胞として、または植物の細胞や器官に分化させて培養することができる。該形質転換体を培養する培地としては、一般に使用されている

ムラシゲ・アンド・スクーグ(MS)培地、ホワイト(White)培地、またはこれら培地にオーキシン、サイトカイニン等、植物ホルモンを添加した培地等を用いることができる。

培養は、通常pH 5~9、20~40°Cの条件下で3~60日間行う。

また、培養中必要に応じて、カナマイシン、ハイグロマイシン等の抗生物質を培地に添加してもよい。

上記のとおり、抗体分子をコードするDNAを組み込んだ組換え体ベクターを保有する酵母、動物細胞、あるいは植物細胞由来の形質転換体を、通常の培養方法に従って培養し、抗体組成物を生成蓄積させ、該培養物より抗体組成物を採取することにより、抗体組成物を製造することができる。

抗体組成物の生産方法としては、宿主細胞内に生産させる方法、宿主細胞外に分泌させる方法、あるいは宿主細胞外膜上に生産させる方法があり、使用する宿主細胞や、生産させる抗体分子の構造を変えることにより、該方法を選択することができる。

抗体組成物が宿主細胞内あるいは宿主細胞外膜上に生産される場合、ポールソンらの方法[ジャーナル・オブ・バイオロジカル・ケミストリー(J. Biol. Chem.), 264, 17619 (1989)]、ロウラの方法[プロシーディングス・オブ・ザ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンス(Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.), 86, 8227 (1989); ジーン・デベロップメント(Genes Develop.), 4, 1288 (1990)]、または特開平05-336963、W094/23021等に記載の方法を準用することにより、該抗体組成物を宿主細胞外に積極的に分泌させることができる。

すなわち、遺伝子組換えの手法を用いて、発現ベクターに、抗体分子をコードするDNA、および抗体分子の発現に適切なシグナルペプチドをコードするDNAを挿入し、該発現ベクターを宿主細胞へ導入した後に抗体分子を発現させることにより、目的とする抗体分子を宿主細胞外に積極的に分泌させることができる。

また、特開平2-227075に記載されている方法に準じて、ジヒドロ葉酸還元酵素遺伝子等を用いた遺伝子増幅系を利用して生産量を上昇させることもできる。

さらに、遺伝子導入した動物または植物の細胞を再分化させることにより、遺伝子が導入された動物個体（トランスジェニック非ヒト動物）または植物個体（トランスジェニック植物）を造成し、これらの個体を用いて抗体組成物を製造することもできる。

形質転換体が動物個体または植物個体の場合は、通常の方法に従って、飼育または栽培し、抗体組成物を生成蓄積させ、該動物個体または植物個体より該抗体組成物を採取することにより、該抗体組成物を製造することができる。

動物個体を用いて抗体組成物を製造する方法としては、例えば公知の方法〔アメリカン・ジャーナル・オブ・クリニカル・ニュートリション(American Journal of Clinical Nutrition), 63, 6395 (1996); アメリカン・ジャーナル・オブ・クリニカル・ニュートリション(American Journal of Clinical Nutrition), 63, 6278 (1996); バイオ/テクノロジー(Bio/Technology), 9, 830 (1991)〕に準じて遺伝子を導入して造成した動物中に目的とする抗体組成物を生産する方法があげられる。

動物個体の場合は、例えば、抗体分子をコードするDNAを導入したトランスジェニック非ヒト動物を飼育し、抗体組成物を該動物中に生成・蓄積させ、該動物中より抗体組成物を採取

することにより、抗体組成物を製造することができる。該動物中の生成・蓄積場所としては、例えば、該動物のミルク（特開昭 63-309192）、卵等をあげることができる。この際に用いられるプロモーターとしては、動物で発現できるものであればいずれも用いることができるが、例えば、乳腺細胞特異的なプロモーターである α カゼインプロモーター、 β カゼインプロモーター、 β ラクトグロブリンプロモーター、ホエー酸性プロテインプロモーター等が好適に用いられる。

植物個体を用いて抗体組成物を製造する方法としては、例えば抗体分子をコードする DNA を導入したトランスジェニック植物を公知の方法[組織培養, 20 (1994); 組織培養, 21 (1995); トレンド・イン・バイオテクノロジー(Trends in Biotechnology), 15, 45 (1997)]に準じて栽培し、抗体組成物を該植物中に生成・蓄積させ、該植物中より該抗体組成物を採取することにより、抗体組成物を生産する方法があげられる。

抗体分子をコードする遺伝子を導入した形質転換体により製造された抗体組成物は、例えば抗体組成物が、細胞内に溶解状態で発現した場合には、培養終了後、細胞を遠心分離により回収し、水系緩衝液にけん濃後、超音波破碎機、フレンチプレス、マントンガウリンホモゲナイザー、ダイノミル等により細胞を破碎し、無細胞抽出液を得る。該無細胞抽出液を遠心分離することにより得られる上清から、通常の酵素の単離精製法、即ち、溶媒抽出法、硫安等による塩析法、脱塩法、有機溶媒による沈殿法、ジエチルアミノエチル (DEAE) -セファロース、DIAION HPA-75 (三菱化学(株)製) 等レジンを用いた陰イオン交換クロマトグラフィー法、S-Sepharose FF (Pharmacia 社) 等のレジンを用いた陽イオン交換クロマトグラフィー法、ブチルセファロース、フェニルセファロース等のレジンを用いた疎水性クロマトグラフィー法、分子篩を用いたゲルろ過法、アフィニティーコロマトグラフィー法、クロマトフォーカシング法、等電点電気泳動等の電気泳動法等の手法を単独あるいは組み合わせて用い、抗体組成物の精製標品を得ることができる。

また、抗体組成物が細胞内に不溶体を形成して発現した場合は、同様に細胞を回収後破碎し、遠心分離を行うことにより、沈殿画分として抗体組成物の不溶体を回収する。回収した抗体組成物の不溶体をタンパク質変性剤で可溶化する。該可溶化液を希釈または透析することにより、該抗体組成物を正常な立体構造に戻した後、上記と同様の単離精製法により該抗体組成物の精製標品を得ることができる。

抗体組成物が細胞外に分泌された場合には、培養上清に該抗体組成物を回収することができる。即ち、該培養物を上記と同様の遠心分離等の手法により処理することにより可溶性画分を取得し、該可溶性画分から、上記と同様の単離精製法を用いることにより、抗体組成物の精製標品を得ることができる。

このようにして取得される抗体組成物として、例えば、抗体、抗体の断片、抗体のFc領域を有する融合蛋白質などを挙げることができる。

以下に、抗体組成物の取得のより具体的な例として、ヒト化抗体およびFc融合蛋白質の組成物の製造方法について記すが、他の抗体組成物等の糖蛋白質を上述の方法および当該方法に準じて取得することもできる。

A. ヒト化抗体組成物の製造

(1) ヒト化抗体発現用ベクターの構築

ヒト化抗体発現用ベクターとは、ヒト抗体の重鎖（H鎖）及び軽鎖（L鎖）C領域をコードする遺伝子が組み込まれた動物細胞用発現ベクターであり、動物細胞用発現ベクターにヒト抗体のH鎖及びL鎖C領域をコードする遺伝子をそれぞれクローニングすることにより構築することができる。

ヒト抗体のC領域としては、任意のヒト抗体のH鎖及びL鎖C領域であることができ、例えば、ヒト抗体のH鎖のIgG1サブクラスのC領域（以下、hC γ 1と表記する）及びヒト抗体のL鎖のκクラスのC領域（以下、hC κ と表記する）等があげられる。

ヒト抗体のH鎖及びL鎖C領域をコードする遺伝子としてはエキソンとインtronから成る染色体DNAを用いることができ、また、cDNAを用いることもできる。

動物細胞用発現ベクターとしては、ヒト抗体のC領域をコードする遺伝子を組込み発現できるものであればいかなるものでも用いることができる。例えば、pAGE107〔サイトテクノロジー（Cytotechnology），3, 133 (1990)〕、pAGE103〔ジャーナル・オブ・バイオケミストリー（J. Biochem.），101, 1307 (1987)〕、pHSG274〔ジーン（Gene），27, 223 (1984)〕、pKCR〔プロシーディングス・オブ・ザ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンス（Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.），78, 1527 (1981)〕、pSG1 β d2-4〔サイトテクノロジー（Cytotechnology），4, 173 (1990)〕等があげられる。動物細胞用発現ベクターに用いるプロモーターとエンハンサーとしては、SV40の初期プロモーターとエンハンサー〔ジャーナル・オブ・バイオケミストリー（J. Biochem.），101, 1307 (1987)〕、モロニーマウス白血病ウイルスのLTR〔バイオケミカル・アンド・バイオフィジカル・リサーチ・コミュニケーションズ（Biochem. Biophys. Res. Commun.），149, 960 (1987)〕、免疫グロブリンH鎖のプロモーター〔セル（Cell），41, 479 (1985)〕とエンハンサー〔セル（Cell），33, 717 (1983)〕等があげられる。

ヒト化抗体発現用ベクターは、抗体H鎖及びL鎖が別々のベクター上に存在するタイプあるいは同一のベクター上に存在するタイプ（以下、タンデム型と表記する）のどちらでも用いることができるが、ヒト化抗体発現ベクターの構築の容易さ、動物細胞への導入の容易さ、動物細胞内での抗体H鎖及びL鎖の発現量のバランスが均衡する等の点からタンデム型のヒト化抗体発現用ベクターの方が好ましい〔ジャーナル・オブ・イムノロジカル・メソッズ（J. Immunol. Methods），167, 271 (1994)〕。

構築したヒト化抗体発現用ベクターは、ヒト型キメラ抗体及びヒト型CDR移植抗体の動物細胞での発現に使用できる。

(2) ヒト以外の動物の抗体のV領域をコードするcDNAの取得

ヒト以外の動物の抗体、例えば、マウス抗体のH鎖及びL鎖V領域をコードするcDNAは以下のようにして取得することができる。

目的のマウス抗体を産生するハイブリドーマ細胞よりmRNAを抽出し、cDNAを合成する。合成したcDNAをファージ或いはプラスミド等のベクターにクローニングしてcDNAライブラリーを作製する。該ライブラリーより、既存のマウス抗体のC領域部分或いはV領域部分をプローブとして用い、H鎖V領域をコードするcDNAを有する組換えファージ或いは組換えプラスミド及びL鎖V領域をコードするcDNAを有する組換えファージ或いは組換えプラスミドをそれぞれ

単離する。組換えファージ或いは組換えプラスミド上の目的のマウス抗体のH鎖及びL鎖V領域の全塩基配列を決定し、塩基配列よりH鎖及びL鎖V領域の全アミノ酸配列を推定する。

ヒト以外の動物としては、マウス、ラット、ハムスター、ウサギ等、ハイブリドーマ細胞を作製することが可能であれば、いかなるものも用いることができる。

5 ハイブリドーマ細胞から全RNAを調製する方法としては、チオシアン酸グアニジントリフルオロ口酢酸セシウム法〔メソッズ・イン・エンザイモロジー(Methods in Enzymol.), 154, 3 (1987)〕、また全RNAからmRNAを調製する方法としては、オリゴ(dT)固定化セルロースカラム法〔モレキュラー・クローニング：ア・ラボラトリ・マニュアル(Molecular Cloning: A Laboratory Manual), Cold Spring Harbor Lab. Press New York, 1989〕等があげられる。また、ハイブリドーマ細胞からmRNAを調製するキットとしては、Fast Track mRNA Isolation Kit (Invitrogen社製)、Quick Prep mRNA Purification Kit (Pharmacia社製)等があげられる。

cDNAの合成及びcDNAライプラリー作製法としては、常法〔モレキュラー・クローニング：ア・ラボラトリ・マニュアル(Molecular Cloning: A Laboratory Manual), Cold Spring Harbor Lab. Press New York, 1989; カレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー(Current Protocols in Molecular Biology), Supplement 1-34〕、或いは市販のキット、例えば、Super Script™ Plasmid System for cDNA Synthesis and Plasmid Cloning (GIBCO BRL社製)やZAP-cDNA Synthesis Kit (Stratagene社製)を用いる方法などがあげられる。

20 cDNAライプラリーの作製の際、ハイブリドーマ細胞から抽出したmRNAを鑄型として合成したcDNAを組み込むベクターは、該cDNAを組み込めるベクターであればいかなるものでも用いることができる。例えば、ZAP Express〔ストラテジーズ(Strategies), 5, 58 (1992)〕、pBluescript II SK(+)〔ヌクレック・アシックス・リサーチ(Nucleic Acids Research), 17, 9494 (1989)〕、λ zap II (Stratagene社製)、λ gt10、λ gt11〔ディーエヌエー・クローニング：ア・プラクティカル・アプローチ(DNA Cloning: A Practical Approach), 1, 49 (1985)〕、Lambda BlueMid (Clontech社製)、λ ExCell、pT7T3 18U (Pharmacia社製)、pcD2〔モレキュラー・アンド・セルラー・バイオロジー(Mol. Cell. Biol.), 3, 280 (1983)〕及びpUC18〔ジーン(Gene), 33, 103 (1985)〕等が用いられる。

25 ファージ或いはプラスミドベクターにより構築されるcDNAライプラリーを導入する大腸菌としては該cDNAライプラリーを導入、発現及び維持できるものであればいかなるものでも用いることができる。例えば、XL1-Blue MRF'〔ストラテジーズ(Strategies), 5, 81 (1992)〕、C600 [ジェネティックス(Genetics), 39, 440 (1954)]、Y1088、Y1090 [サイエンス(Science), 222, 778 (1983)]、NM522 [ジャーナル・オブ・モレキュラー・バイオロジー(J. Mol. Biol.), 166, 1 (1983)]、K802 [ジャーナル・オブ・モレキュラー・バイオロジー(J. Mol. Biol.), 16, 118 (1966)] 及びJM105 [ジーン(Gene), 38, 275 (1985)] 等が用いられる。

30 cDNAライプラリーからのヒト以外の動物の抗体のH鎖及びL鎖V領域をコードするcDNAクローニングの選択法としては、アイソトープ或いは蛍光標識したプローブを用いたコロニー・ハイブリダイゼーション法或いはブラーク・ハイブリダイゼーション法〔モレキュラー・クローニング：ア・ラボラトリ・マニュアル(Molecular Cloning: A Laboratory Manual), Cold Spring Harbor Lab. Press New York, 1989〕により選択することができる。

また、プライマーを調製し、mRNAから合成した cDNA 或いは cDNA ライブライマーを鑄型として、Polymerase Chain Reaction [以下、PCR 法と表記する；モレキュラー・クローニング：ア・ラボラトリー・マニュアル (Molecular Cloning: A Laboratory Manual), Cold Spring Harbor Lab. Press New York, 1989; カレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー (Current Protocols in Molecular Biology), Supplement 1-34] により H鎖及び L鎖 V 領域をコードする cDNA を調製することもできる。

上記方法により選択された cDNA を、適当な制限酵素などで切断後、pBluescript SK(-) (Stratagene 社製) 等のプラスミドにクローニングし、通常用いられる塩基配列解析方法、例えば、サンガー (Sanger) らのジデオキシ法 [プロシーディングス・オブ・ザ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンス (Proc. Natl. Acad. Sci., U.S.A.), 74, 5463 (1977)] 等の反応を行い、塩基配列自動分析装置、例えば、A. L. F. DNA シークエンサー (Pharmacia 社製) 等を用いて解析することで該 cDNA の塩基配列を決定することができる。

決定した塩基配列から H鎖及び L鎖 V 領域の全アミノ酸配列を推定し、既知の抗体の H鎖及び L鎖 V 領域の全アミノ酸配列 [シーケンシズ・オブ・プロテインズ・オブ・イムノロジカル・インタレスト (Sequences of Proteins of Immunological Interest), US Dept. Health and Human Services, 1991] と比較することにより、取得した cDNA が分泌シグナル配列を含む抗体の H鎖及び L鎖 V 領域の完全なアミノ酸配列をコードしているかを確認することができる。

(3) ヒト以外の動物の抗体の V 領域のアミノ酸配列の解析

分泌シグナル配列を含む抗体の H鎖及び L鎖 V 領域の完全なアミノ酸配列に関しては、既知の抗体の H鎖及び L鎖 V 領域の全アミノ酸配列 [シーケンシズ・オブ・プロテインズ・オブ・イムノロジカル・インタレスト (Sequences of Proteins of Immunological Interest), US Dept. Health and Human Services, 1991] と比較することにより、分泌シグナル配列の長さ及び N 末端アミノ酸配列を推定でき、更にはそれらが属するサブグループを知ることができる。また、H鎖及び L鎖 V 領域の各 CDR のアミノ酸配列についても、既知の抗体の H鎖及び L鎖 V 領域のアミノ酸配列 [シーケンシズ・オブ・プロテインズ・オブ・イムノロジカル・インタレスト (Sequences of Proteins of Immunological Interest), US Dept. Health and Human Services, 1991] と比較することによって見出すことができる。

(4) ヒト型キメラ抗体発現ベクターの構築

本項 2 の A の (1) に記載のヒト化抗体発現用ベクターのヒト抗体の H鎖及び L鎖 C 領域をコードする遺伝子の上流に、ヒト以外の動物の抗体の H鎖及び L鎖 V 領域をコードする cDNA をクローニングし、ヒト型キメラ抗体発現ベクターを構築することができる。例えば、ヒト以外の動物の抗体の H鎖及び L鎖 V 領域をコードする cDNA を、ヒト以外の動物の抗体 H鎖及び L鎖 V 領域の 3' 末端側の塩基配列とヒト抗体の H鎖及び L鎖 C 領域の 5' 末端側の塩基配列とから成り、かつ適当な制限酵素の認識配列を両端に有する合成 DNA とそれぞれ連結し、それぞれを本項 2 の A の (1) に記載のヒト化抗体発現用ベクターのヒト抗体の H鎖及び L鎖 C 領域をコードする遺伝子の上流にそれらが適切な形で発現するようにクローニングし、ヒト型キメラ抗体発現ベクターを構築することができる。

(5) ヒト型 CDR 移植抗体の V 領域をコードする cDNA の構築

ヒト型 CDR 移植抗体の H鎖及び L鎖 V 領域をコードする cDNA は、以下のようにして構築することができる。まず、目的のヒト以外の動物の抗体の H鎖及び L鎖 V 領域の CDR を移植するヒト抗体の H鎖及び L鎖 V 領域のフレームワーク（以下、FR と表記する）のアミノ酸配列を選択する。ヒト抗体の H鎖及び L鎖 V 領域の FR のアミノ酸配列としては、ヒト抗体由来のものであれば、いかなるものでも用いることができる。例えば、Protein Data Bank 等のデータベースに登録されているヒト抗体の H鎖及び L鎖 V 領域の FR のアミノ酸配列、ヒト抗体の H鎖及び L鎖の V 領域の FR の各サブグループの共通アミノ酸配列 [シーケンシズ・オブ・プロテインズ・オブ・イムノロジカル・インターレスト (Sequences of Proteins of Immunological Interest), US Dept. Health and Human Services, 1991] 等があげられるが、その中でも、十分な活性を有するヒト型 CDR 移植抗体を作製するためには、目的のヒト以外の動物の抗体の H鎖及び L鎖 V 領域の FR のアミノ酸配列とできるだけ高い相同意性（少なくとも 60%以上）を有するアミノ酸配列を選択することが望ましい。

次に、選択したヒト抗体の H鎖及び L鎖 V 領域の FR のアミノ酸配列に目的のヒト以外の動物の抗体の H鎖及び L鎖 V 領域の CDR のアミノ酸配列を移植し、ヒト型 CDR 移植抗体の H鎖及び L鎖 V 領域のアミノ酸配列を設計する。設計したアミノ酸配列を抗体の遺伝子の塩基配列に見られるコドンの使用頻度 [シーケンシズ・オブ・プロテインズ・オブ・イムノロジカル・インターレスト (Sequences of Proteins of Immunological Interest), US Dept. Health and Human Services, 1991] を考慮して DNA 配列に変換し、ヒト型 CDR 移植抗体の H鎖及び L鎖 V 領域のアミノ酸配列をコードする DNA 配列を設計する。設計した DNA 配列に基づき、100 塩基前後の長さから成る数本の合成 DNA を合成し、それらを用いて PCR 法を行う。この場合、PCR での反応効率及び合成可能な DNA の長さから、H鎖、L鎖とも 6 本の合成 DNA を設計することが好ましい。

また、両端に位置する合成 DNA の 5'末端に適當な制限酵素の認識配列を導入することで、本項 2 の A の (1) で構築したヒト化抗体発現用ベクターに容易にクローニングすることができる。PCR 後、增幅産物を pBluescript SK(-) (Stratagene 社製) 等のプラスミドにクローニングし、本項 2 の A の (2) に記載の方法により、塩基配列を決定し、所望のヒト型 CDR 移植抗体の H鎖及び L鎖 V 領域のアミノ酸配列をコードする DNA 配列を有するプラスミドを取得する。

(6) ヒト型 CDR 移植抗体の V 領域のアミノ酸配列の変改

ヒト型 CDR 移植抗体は、目的のヒト以外の動物の抗体の H鎖及び L鎖 V 領域の CDR のみをヒト抗体の H鎖及び L鎖 V 領域の FR に移植しただけでは、その抗原結合活性は元のヒト以外の動物の抗体に比べて低下してしまうことが知られている [バイオ/テクノロジー (BIO/TECHNOLOGY), 9, 266 (1991)]。この原因としては、元のヒト以外の動物の抗体の H鎖及び L鎖 V 領域では、CDR のみならず、FR のいくつかのアミノ酸残基が直接的或いは間接的に抗原結合活性に関与しており、それらアミノ酸残基が CDR の移植に伴い、ヒト抗体の H鎖及び L鎖 V 領域の FR の異なるアミノ酸残基へと変化してしまうことが考えられている。この問題を解決するため、ヒト型 CDR 移植抗体では、ヒト抗体の H鎖及び L鎖 V 領域の FR のアミノ酸配列の中で、直接抗原との結合に関与しているアミノ酸残基や CDR のアミノ酸残基と相互作用したり、抗体の立体構造を維持し、間接的に抗原との結合に関与しているアミノ酸残基を同定し、それらを元のヒト以外

の動物の抗体に見出されるアミノ酸残基に改変し、低下した抗原結合活性を上昇させることができられている〔バイオ/テクノロジー(BIO/TECHNOLOGY), 9, 266 (1991)〕。

ヒト型 CDR 移植抗体の作製においては、それら抗原結合活性に関わる FR のアミノ酸残基を如何に効率よく同定するかが、最も重要な点であり、そのために X 線結晶解析〔ジャーナル・オブ・モレキュラー・バイオロジー(J. Mol. Biol.), 112, 535 (1977)〕或いはコンピューター・モデリング〔プロテイン・エンジニアリング(Protein Engineering), 7, 1501 (1994)〕等による抗体の立体構造の構築及び解析が行われている。これら抗体の立体構造の情報は、ヒト型 CDR 移植抗体の作製に多くの有益な情報をもたらして来たが、その一方、あらゆる抗体に適応可能なヒト型 CDR 移植抗体の作製法は未だ確立されておらず、現状ではそれぞれの抗体について数種の改変体を作製し、それぞれの抗原結合活性との相関を検討する等の種々の試行錯誤が必要である。

ヒト抗体の H 鎮及び L 鎮 V 領域の FR のアミノ酸残基の改変は、改変用合成 DNA を用いて本項 2 の A の (5) に記載の PCR 法を行うことにより、達成できる。PCR 後の増幅産物について本項 2 の A の (2) に記載の方法により、塩基配列を決定し、目的の改変が施されたことを確認する。

(7) ヒト型 CDR 移植抗体発現ベクターの構築

本項 2 の A の (1) に記載のヒト化抗体発現用ベクターのヒト抗体の H 鎮及び L 鎮 C 領域をコードする遺伝子の上流に、本項 2 の A の (5) 及び (6) で構築したヒト型 CDR 移植抗体の H 鎮及び L 鎮 V 領域をコードする cDNA をクローニングし、ヒト型 CDR 移植抗体発現ベクターを構築することができる。例えば、本項 2 の A の (5) 及び (6) でヒト型 CDR 移植抗体の H 鎮及び L 鎮 V 領域を構築する際に用いる合成 DNA のうち、両端に位置する合成 DNA の 5' 末端に適当な制限酵素の認識配列を導入することで、本項 2 の A の (1) に記載のヒト化抗体発現ベクターのヒト抗体の H 鎮及び L 鎮 C 領域をコードする遺伝子の上流にそれらが適切な形で発現するようにクローニングし、ヒト型 CDR 移植抗体発現ベクターを構築することができる。

(8) ヒト化抗体の安定的生産

本項 2 の A の (4) 及び (7) に記載のヒト化抗体発現ベクターを適当な動物細胞に導入することによりヒト型キメラ抗体及びヒト型 CDR 移植抗体（以下、併せてヒト化抗体と称す）を安定に生産する形質転換株を得ることができる。

動物細胞へのヒト化抗体発現ベクターの導入法としては、エレクトロポレーション法〔特開平 2-257891; サイトテクノロジー(Cytotechnology), 3, 133 (1990)〕等があげられる。

ヒト化抗体発現ベクターを導入する動物細胞としては、ヒト化抗体を生産させることができる動物細胞であれば、いかなる細胞でも用いることができる。

具体的には、マウスミエローマ細胞である NS0 細胞、SP2/0 細胞、チャイニーズハムスター卵巣細胞 CHO/dhfr- 細胞、CHO/DG44 細胞、ラットミエローマ YB2/0 細胞、IR983F 細胞、シリアルンハムスター腎臓由来である BHK 細胞、ヒトミエローマ細胞であるナマルバ細胞などがあげられるが、好ましくは、チャイニーズハムスター卵巣細胞である CHO/DG44 細胞、ラットミエローマ YB2/0 細胞、1. に記載の細胞等があげられる。

ヒト化抗体発現ベクターの導入後、ヒト化抗体を安定に生産する形質転換株は、特開平2-257891に開示されている方法に従い、G418 sulfate（以下、G418と表記する；SIGMA社製）等の薬剤を含む動物細胞培養用培地により選択できる。動物細胞培養用培地としては、RPMI1640培地（日本製薬社製）、GIT培地（日本製薬社製）、EX-CELL302培地（JRH社製）、IMDM培地（GIBCO BRL社製）、Hybridoma-SFM培地（GIBCO BRL社製）、またはこれら培地にインスリン、インスリン様増殖因子、トランスフェリン、アルブミン等の各種添加物を添加した培地等をいわることができる。得られた形質転換株を培地中で培養することで培養上清中にヒト化抗体を生産蓄積させることができる。培養上清中のヒト化抗体の生産量及び抗原結合活性は酵素免疫抗体法[以下、ELISA法と表記する；アンティボディズ:ア・ラボラトリ・マニュアル(Antibodies: A Laboratory Manual), Cold Spring Harbor Laboratory, Chapter 14, 1998、モノクローナル・アンティボディズ:プリンシブルズ・アンド・プラクティス(Monoclonal Antibodies: Principles and Practice), Academic Press Limited, 1996]等により測定できる。また、形質転換株は、特開平2-257891に開示されている方法に従い、DHFR 遺伝子増幅系等を利用してヒト化抗体の生産量を上昇させることができる。

ヒト化抗体は、形質転換株の培養上清よりプロテインAカラムを用いて精製することができる[アンティボディズ:ア・ラボラトリ・マニュアル(Antibodies: A Laboratory Manual), Cold Spring Harbor Laboratory, Chapter 8, 1988、モノクローナル・アンティボディズ:プリンシブルズ・アンド・プラクティス(Monoclonal Antibodies: Principles and Practice), Academic Press Limited, 1996]。また、その他に通常、タンパク質の精製で用いられる精製方法を使用することができる。例えば、ゲル濾過、イオン交換クロマトグラフィー及び限外濾過等を組み合わせて行い、精製することができる。精製したヒト化抗体のH鎖、L鎖或いは抗体分子全体の分子量は、ポリアクリルアミドゲル電気泳動[以下、SDS-PAGEと表記する；ネイチャー(Nature), 227, 680 (1970)]やウエスタンブロッティング法[アンティボディズ:ア・ラボラトリ・マニュアル(Antibodies: A Laboratory Manual), Cold Spring Harbor Laboratory, Chapter 12, 1988、モノクローナル・アンティボディズ:プリンシブルズ・アンド・プラクティス(Monoclonal Antibodies: Principles and Practice), Academic Press Limited, 1996]等で測定することができる。

B. Fc 融合蛋白質の製造

(1) Fc 融合蛋白質発現用ベクターの構築

Fc 融合蛋白質発現用ベクターとは、ヒト抗体のFc領域と融合させる蛋白質とをコードする遺伝子が組み込まれた動物細胞用発現ベクターであり、動物細胞用発現ベクターにヒト抗体のFc領域と融合させる蛋白質とをコードする遺伝子をクローニングすることにより構築することができる。

ヒト抗体のFc領域としては、CH2とCH3領域を含む領域のほか、ヒンジ領域、CH1の一部が含まれるものも包含される。またCH2またはCH3の少なくとも1つのアミノ酸が欠失、置換、付加または挿入され、実質的にFcγ受容体への結合活性を有するものであればいかなるものでもよい。

ヒト抗体のFc領域と融合させる蛋白質とをコードする遺伝子としてはエキソンとイントロンから成る染色体DNAを用いることができ、また、cDNAを用いることもできる。それら遺伝子とFc領域を連結する方法としては、各遺伝子配列を鋳型として、PCR法（モレキュラー・クローニング第2版；カレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー, Supplement 1-34）を行うことがあげられる。

動物細胞用発現ベクターとしては、ヒト抗体のC領域をコードする遺伝子を組込み発現できるものであればいかなるものでも用いることができる。例えば、pAGE107【サイトテクノロジー（Cytotechnology）, 3, 133 (1990)】、pAGE103【ジャーナル・オブ・バイオケミストリー（J. Biochem.）, 101, 1307 (1987)】、pHSG274【ジーン（Gene）, 27, 223 (1984)】、pKCR【プロシードィングス・オブ・ザ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンス（Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.）, 78, 1527 (1981)】、pSG1β d2-4【サイトテクノロジー（Cytotechnology）, 4, 173 (1990)】等があげられる。動物細胞用発現ベクターに用いるプロモーターとエンハンサーとしては、SV40の初期プロモーターとエンハンサー【ジャーナル・オブ・バイオケミストリー（J. Biochem.）, 101, 1307 (1987)】、モロニーマウス白血病ウイルスのLTR【バイオケミカル・アンド・バイオフィジカル・リサーチ・コミュニケーションズ（Biochem. Biophys. Res. Commun.）, 149, 960 (1987)】、免疫グロブリンH鎖のプロモーター【セル（Cell）, 41, 479 (1985)】とエンハンサー【セル（Cell）, 33, 717 (1983)】等があげられる。

(2) ヒト抗体のFc領域と融合させる蛋白質とをコードするDNAの取得

ヒト抗体のFc領域と融合させる蛋白質とをコードするDNAは以下のようにして取得することができる。

目的のFcと融合させる蛋白質を発現している細胞や組織よりmRNAを抽出し、cDNAを合成する。合成したcDNAをファージ或いはプラスミド等のベクターにクローニングしてcDNAライブラリーを作製する。該ライブラリーより、目的の蛋白質の遺伝子配列部分をプローブとして用い、目的の蛋白質をコードするcDNAを有する組換えファージ或いは組換えプラスミドを単離する。組換えファージ或いは組換えプラスミド上の目的の蛋白質の全塩基配列を決定し、塩基配列より全アミノ酸配列を推定する。

ヒト以外の動物としては、マウス、ラット、ハムスター、ウサギ等、細胞や組織を摘出することが可能であれば、いかなるものも用いることができる。

細胞や組織から全RNAを調製する方法としては、チオシアヌ酸グアニジントリフルオロ酢酸セシウム法【メソッズ・イン・エンザイモロジー（Methods in Enzymol.）, 154, 3 (1987)】、また全RNAからmRNAを調製する方法としては、オリゴ(dT)固定化セルロースカラム法（モレキュラー・クローニング第2版）等があげられる。また、細胞や組織からmRNAを調製するキットとしては、Fast Track mRNA Isolation Kit (Invitrogen社製)、Quick Prep mRNA Purification Kit (Pharmacia社製) 等があげられる。

cDNAの合成及びcDNAライブラリー作製法としては、常法（モレキュラー・クローニング第2版；カレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー, Supplement 1-34）、或いは市販のキット、例えば、Super Script™ Plasmid System for cDNA Synthesis and Plasmid

Cloning (GIBCO BRL 社製) や ZAP-cDNA Synthesis Kit (Stratagene 社製) を用いる方法などがあげられる。

cDNA ライブラーの作製の際、細胞や組織から抽出した mRNA を鉄型として合成した cDNA を組み込むベクターは、該 cDNA を組み込めるベクターであればいかなるものでも用いることができる。例えば、ZAP Express [ストラテジーズ(Strategies), 5, 58 (1992)], pBluescript II SK(+) [スクレイック・アッシュ・リサーチ(Nucleic Acids Research), 17, 9494 (1989)], λ zapII (Stratagene 社製)、λ gt10, λ gt11 [ディーエヌエー・クローニング：ア・ブラックティカル・アプローチ (DNA Cloning: A Practical Approach), 1, 49 (1985)], Lambda BlueMid (Clontech 社製)、λ ExCell, pT7T3 18U (Pharmacia 社製)、pcD2 [モレキュラー・アンド・セルラー・バイオロジー (Mol. Cell. Biol.), 3, 280 (1983)] 及び pUC18 [ジーン (Gene), 33, 103 (1985)] 等が用いられる。

ファージ或いはプラスミドベクターにより構築される cDNA ライブラーを導入する大腸菌としては該 cDNA ライブラーを導入、発現及び維持できるものであればいかなるものでも用いることができる。例えば、XL1-Blue MRF' [ストラテジーズ (Strategies), 5, 81 (1992)], C600 [ジェネティックス (Genetics), 39, 440 (1954)], Y1088, Y1090 [サイエンス (Science), 222, 778 (1983)], NM522 [ジャーナル・オブ・モレキュラー・バイオロジー (J. Mol. Biol.), 166, 1 (1983)], K802 [ジャーナル・オブ・モレキュラー・バイオロジー (J. Mol. Biol.), 16, 118 (1966)] 及び JM105 [ジーン (Gene), 38, 275 (1985)] 等が用いられる。

cDNA ライブラーからの目的の蛋白質をコードする cDNA クローンの選択法としては、アイソトープ或いは蛍光標識したプローブを用いたコロニー・ハイブリダイゼーション法或いはブラーク・ハイブリダイゼーション法 (モレキュラー・クローニング第2版) により選択することができる。また、プライマーを調製し、mRNA から合成した cDNA 或いは cDNA ライブラーを鉄型として、PCR 法により目的の蛋白質をコードする cDNA を調製することもできる。

目的の蛋白質をヒト抗体の Fc 領域と融合させる方法としては、PCR 法があげられる。例えば、目的の蛋白質の遺伝子配列の 5' 側と 3' 側に任意の合成オリゴ DNA (プライマー) を設定し、PCR 法を行い PCR 産物を取得する。同様に、融合させるヒト抗体の Fc 領域の遺伝子配列に対しても任意のプライマーを設定し、PCR 産物を得る。このとき、融合させる蛋白質の PCR 産物の 3' 側と Fc 領域の PCR 産物の 5' 側には同じ制限酵素部位もしくは同じ遺伝子配列が存在するようにプライマーを設定する。この連結部分周辺のアミノ酸改変が必要である場合には、その変異を導入したプライマーを用いることで変異を導入する。得られた 2 種類の PCR 断片を用いてさらに PCR を行うことで、両遺伝子を連結する。もしくは、同一の制限酵素処理をした後にライゲーションすることでも連結することができる。

上記方法により連結された遺伝子配列を、適当な制限酵素などで切断後、pBluescript SK(-) (Stratagene 社製) 等のプラスミドにクローニングし、通常用いられる塩基配列解析方法、例えばサンガー (Sanger) らのジデオキシ法 [プロセーディングス・オブ・ザ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンス (Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.), 74, 5463 (1977)] あるいは ABI PRISM 377DNA シークエンサー (PE Biosystems 社製) 等の塩基配列分析装置を用いて分析することにより、該 DNA の塩基配列を決定することができる。

決定した塩基配列から Fc 融合蛋白質の全アミノ酸配列を推定し、目的のアミノ酸配列と比較することにより、取得した cDNA が分泌シグナル配列を含む Fc 融合蛋白質の完全なアミノ酸配列をコードしているかを確認することができる。

(3) Fc 融合蛋白質の安定的生産

5 前記の (1) 項に記載の Fc 融合蛋白質発現ベクターを適当な動物細胞に導入することにより Fc 融合蛋白質を安定に生産する形質転換株を得ることができる。

動物細胞への Fc 融合蛋白質発現ベクターの導入法としては、エレクトロポレーション法 [特開平 2-257891; サイトテクノロジー (Cytotechnology), 3, 133 (1990)] 等があげられる。

10 Fc 融合蛋白質発現ベクターを導入する動物細胞としては、Fc 融合蛋白質を生産させることができ 10 的な動物細胞であれば、いかなる細胞でも用いることができる。

具体的には、マウスマエローマ細胞である NS0 細胞、SP2/0 細胞、チャイニーズハムスター卵巣細胞 CHO/dhfr 細胞、CHO/DG44 細胞、ラットミエローマ YB2/0 細胞、IR938F 細胞、シリアルハムスター腎臓由来である BHK 細胞、ヒトミエローマ細胞であるナマルバ細胞などがあげられるが、好ましくは、チャイニーズハムスター卵巣細胞である CHO/DG44 細胞、ラットミエローマ YB2/0 細胞、前記 1. 項に記載の本発明の方法に用いられる宿主細胞等があげられる。

15 Fc 融合蛋白質発現ベクターの導入後、Fc 融合蛋白質を安定に生産する形質転換株は、特開平 2-257891 に開示されている方法に従い、G418 等の薬剤を含む動物細胞培養用培地により選択できる。動物細胞培養用培地としては、RPMI1640 培地 (日本製葉社製)、GIT 培地 (日本製葉社製)、EX-CELL302 培地 (JRH 社製)、IMDM 培地 (GIBCO BRL 社製)、Hybridoma-SFM 培地 (GIBCO BRL 社製)、またはこれら培地にインスリン、インスリン様増殖因子、トランスフェリン、アルブミン等の各種添加物を添加した培地等を用いることができる。得られた形質転換株を培地中で培養することで培養上清中に Fc 融合蛋白質を生産蓄積させることができる。培養上清中の Fc 融合蛋白質の生産量及び抗原結合活性は ELISA 法等により測定できる。また、形質転換株は、特開平 2-257891 に開示されている方法に従い、dhfr 遺伝子增幅系等を利用して Fc 融合蛋白質の生産量を上昇させることができる。

20 Fc 融合蛋白質は、形質転換株の培養上清よりプロテイン A カラムやプロテイン G カラムを用いて精製することができる (アンチボディズ, Chapter 8、モノクローナル・アンティボディズ)。また、その他に通常、タンパク質の精製で用いられる精製方法を使用することができる。例えば、ゲルfiltration、イオン交換クロマトグラフィー及び限外濾過等を組み合わせて行い、精製する 25 ことができる。精製した Fc 融合蛋白質分子全体の分子量は、SDS-PAGE [ネイチャー (Nature), 227, 680 (1970)] やウエスタンプロッティング法 (アンチボディズ, Chapter 12、モノクローナル・アンティボディズ) 等で測定することができる。

以上、動物細胞を宿主とした抗体および Fc 融合蛋白質の組成物の製造方法を示したが、上述 30 したように、酵母、昆虫細胞、植物細胞または動物細胞あるいは植物細胞においても製造することができる。

既に、抗体分子等の糖蛋白質を発現する能力を有している細胞の場合には、上記 1. に記載の方法を用いて糖蛋白質生産細胞を調製した後に、該細胞を培養し、該培養物から目的とする

抗体組成物や糖蛋白質組成物を精製することにより、本発明の抗体組成物や糖蛋白質組成物を製造することができる。

3. 無血清培養による本発明の糖蛋白質組成物の製造法

本発明の細胞は、さらに無血清培地へ馴化させる必要がある。本発明の細胞を用いて、糖蛋白質の製造を行なうことにより、無血清あるいは無蛋白培地の糖蛋白質組成物の製造が可能である。

本発明の無血清培地への馴化方法としては、血清を含有する培地で継代した α -1,6-フコース修飾酵素のゲノム遺伝子がノックアウトされた細胞を、市販の無血清培地等へ直接馴化させる方法や連続馴化させる方法 (Cell & Tissue Culture: Laboratory Procedures, JOHON WILEY & SONS 2C:1) 等があげられる。以下に、その具体的な例をあげる。

無血清馴化中には細胞の生存率が一時的に低下し、細胞が死滅してしまうことがある。このため、細胞の生存率を戻し、あるいは高く維持するためには、無血清馴化培地への細胞接種時に細胞密度を $1 \times 10^5 \sim 10 \times 10^5$ 細胞/m¹、好ましくは $4 \times 10^5 \sim 6 \times 10^5$ 細胞/m¹ となるように接種することが好ましい。例えば、直接馴化法では、培地中に細胞を接種し、37°C、5% CO₂ インキュベーターでのバッチ培養等、通常の動物細胞の培養方法を用いて培養し、細胞濃度が $10 \times 10^5 \sim 40 \times 10^5$ 細胞/m¹ に達したら、無血清培地中に細胞を接種し、同様な条件で培養を繰り返す。

無血清培地に α -1,6-フコース修飾酵素のゲノム遺伝子がノックアウトされた細胞を $1 \times 10^5 \sim 10 \times 10^5$ 細胞/m¹、好ましくは $4 \times 10^5 \sim 6 \times 10^5$ 細胞/m¹ となるように接種し、通常の動物細胞の培養方法を用いて4～7日後に、細胞密度が $10 \times 10^5 \sim 40 \times 10^5$ 細胞/m¹ に達した細胞を無血清培地に馴化した細胞として選択する。

無血清培地に馴化した細胞は、細胞濃度が下記のバッチ培養で用いられる培地中に $10 \times 10^5 \sim 30 \times 10^5$ 細胞/m¹ となるように接種し、下記のバッチ培養で用いられる培養条件で3～5日間培養して、継代培養を行うことができる。なお、継代培養の期間中、無血清培地に馴化した細胞の生存率は、90%以上に維持しておくことが望ましい。また、 α -1,6-フコース修飾酵素のゲノム遺伝子がノックアウトされた細胞、例えば、 α -1,6-フコシルトランスフェラーゼのゲノム遺伝子がノックアウトされた細胞または該細胞の形質転換細胞について、無血清培地に馴化した細胞が所望の糖蛋白質の生産性を維持するためには、アルブミンを好ましくは0.1～10g/L、さらに好ましくは0.5～3g/Lとなるように無血清培地へ添加しておくとよい。

本発明の無血清培地への馴化方法を用いて細胞を無血清馴化させた後、96 ウエルプレートによる限界希釈法、コロニー形成方法等を用いることにより、クローン（単一細胞）化した細胞株を調製することができる。

以下に、限界希釈法を用いたクローン化した細胞株を調製する方法を示す。

細胞懸濁液を希釈し、ひとつのウエルに1個以下の確率で細胞が入るように接種し、市販の無血清培地などを用いて、30～40°C、5% CO₂ インキュベーター内で数週間培養する。培養終了後、細胞増殖の認められた細胞の培養上清中の所望の糖蛋白質の濃度を調べ、該糖蛋白質の生産性の高い細胞を選択する。

コロニー形成方法を用いてクローニングする方法は以下のとおりである。

付着性細胞の場合は、細胞懸濁液を希釈し、シャーレに細胞を接種して培養後、コロニーの形成を確認する。ペニシリンキャップ等のリングでコロニーを分離し、トリプシン等の酵素で細胞を分離後、適当な培養器に移し、所望の糖蛋白質の生産量を調べ、該糖蛋白質の生産性の高い細胞を選択する。

浮遊細胞の場合は、細胞懸濁液を希釈し、軟寒天中に細胞を接種して培養し、生じたコロニーを顕微鏡下でピックアップした後、静置培養に戻して所望の糖蛋白質の生産量を調べ、生産性の高い細胞を選択する。

上記方法を繰り返して行なうことと、無血清に馴化され、かつ目的とする細胞特性を持った10 クローニングされた α -1, 6-フコース修飾酵素のゲノム遺伝子がノックアウトされた細胞株を選択することができる。

上記方法により、無血清培地に馴化した α -1, 6-フコース修飾酵素のゲノム遺伝子がノックアウトされた細胞株を得ることができる。

無血清培地に馴化した α -1, 6-フコース修飾酵素のゲノム遺伝子がノックアウトされた細胞15 株は、上記の無血清培地に馴化した細胞を継代培養する方法で継代培養することができる。本発明の無血清培地への馴化方法を用いて無血清培地に馴化した α -1, 6-フコース修飾酵素のゲノム遺伝子がノックアウトされた細胞としては、WK704-2B8P (FERM BP-8337)、WK704-2871 (FERM BP-8336)、WK704-2760 (FERM BP-8335) を無血清培地に馴化した細胞などがあげられる。

なお、本発明の無蛋白培地での細胞の馴化方法についても、上述の無血清培地での細胞の馴20 化方法と同様の方法で行なうことができる。

本発明の細胞を培養する方法としては、所望の糖蛋白質組成物を効率よく生産できる培養方法であれば、通常用いられる動物細胞の培養法のいずれでも用いることができる。例えば、バッチャ培養、リピートバッチャ培養、フェドバッチャ培養、パーフュージョン培養等があげられるが、所望の糖蛋白質の生産性を高めるにはフェドバッチャ培養またはパーフュージョン培養が好ましい。

(1) バッチャ培養

本発明の細胞の培養方法において用いられる無血清培地は、通常の動物細胞の培養に用いられる基礎培地に血清の代わりに、各生理活性物質、栄養因子が添加され、かつ動物細胞が同化しうる炭素源、窒素源等を含有させたものが用いられる。

具体的には、RPMI 1640 培地 [The Journal of the American Medical Association, 199, 519 (1967)]、Eagle の MEM 培地 [Science, 122, 501 (1952)]、ダルベッコ改変 MEM 培地 [Virology, 8, 396 (1959)]、199 培地 [Proceeding of the Society for the Biological Medicine, 73, 1 (1950)]、F12 培地 [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 53, 288 (1965)]、IMDM 培地 [J. Experimental Medicine, 147, 923 (1978)] 等があげられるが、好ましくは、35 DMEM 培地、F12 培地、IMDM 培地等が用いられる。

無血清培地には、必要に応じて動物細胞の生育に必要な栄養因子、生理活性物質等を添加する。これらの添加物は、培養前に予め培地に含有させる。

栄養因子としては、グルコース、アミノ酸、ビタミン等があげられる。

アミノ酸としては、L-アラニン、L-アルギニン、L-アスパラギン、L-アスパラギン酸、L-シスチン、L-グルタミン酸、L-グルタミン、グリシン、L-ヒスチジン、L-イソロイシン、L-ロイシン、L-リジン、L-メチオニン、L-フェニルアラニン、L-プロリン、L-セリン、L-スレオニン、L-トリプトファン、L-チロシン、L-バリン等があげられ、1種または2種以上組み合わせて用いられる。

ビタミンとしては、d-ビオチン、D-バントテン酸、コリン、葉酸、myo-イノシトール、ナイアシンアミド、ビリドキサール、リボフラビン、チアミン、シアノコバラミン、DL- α -トコフェロール等があげられ、1種または2種以上組み合わせて用いられる。

生理活性物質としては、インスリン、インスリン様増殖因子、トランスフェリン、アルブミン等があげられる。

栄養因子の濃度として、グルコースの濃度は200～6000mg/L、好ましくは3000～5000mg/Lである。

アミノ酸の濃度は、例えば、L-アラニン1～160mg/L（好ましくは3～120mg/L）、L-アルギニン-塩酸10～1000mg/L（好ましくは30～800mg/L）、L-アスパラギン-水和物10～200mg/L（好ましくは20～150mg/L）、L-アスパラギン酸5～100mg/L（好ましくは10～75mg/L）、L-シスチン-二塩酸10～200mg/L（好ましくは20～150mg/L）、L-グルタミン酸5～200mg/L（好ましくは10～150mg/L）、L-グルタミン50～2000（好ましくは100～1500mg/L）、グリシン2～100mg/L（好ましくは5～75mg/L）、L-ヒスチジン-塩酸二水和物5～200mg/L（好ましくは10～150mg/L）、L-イソロイシン2～300mg/L（好ましくは4～200mg/L）、L-ロイシン5～300mg/L（好ましくは10～200mg/L）、L-リジン-塩酸10～300mg/L（好ましくは20～250mg/L）、L-メチオニン5～100mg/L（好ましくは10～75mg/L）、L-フェニルアラニン5～200mg/L（好ましくは10～150mg/L）、L-プロリン5～200mg/L（好ましくは10～150mg/L）、L-セリン5～200mg/L（好ましくは10～150mg/L）、L-スレオニン5～200mg/L（好ましくは10～150mg/L）、L-トリプトファン1～40mg/L（好ましくは2～30mg/L）、L-チロシンニナトリウム二水和物2～300mg/L（好ましくは4～200mg/L）、L-バリン5～300mg/L（好ましくは10～200mg/L）である。

ビタミンの濃度は、例えば、d-ビオチン0.001～0.4mg/L（好ましくは0.02～0.3mg/L）、D-バントテン酸カルシウム0.001～10.0mg/L（好ましくは0.002～7.5mg/L）、塩化コリン0.1～20.0mg/L（好ましくは0.2～15.0mg/L）、葉酸0.005～20.0mg/L（好ましくは0.01～15.0mg/L）、myo-イノシトール0.01～300mg/L（好ましくは0.05～200mg/L）、ナイアシンアミド0.01～20.0mg/L（好ましくは0.02～15.0mg/L）、ビリドキサール-塩酸0.01～15.0mg/L（好ましくは0.02～10.0mg/L）、リボフラビン0.005～2.0mg/L（好ましくは0.01～1.5mg/L）。

mg/L)、チアミン一塩酸0.005~20.0mg/L(好ましくは0.01~15.0mg/L)、シアノコバラミン0.001~5.0mg/L(好ましくは0.002~3.0mg/L)である。

5 生理活性物質の濃度は、例えば、インスリン10~500mg/L、好ましくは50~300mg/L、
インスリン様増殖因子10~500mg/L、好ましくは50~300mg/L、
トランスフェリン10~500mg/L、好ましくは50~300mg/L、アルブミン200~600mg/L、好ましくは700~4000mg/Lである。

10 バッヂ培養は、通常pH6~8、30~40℃等の条件下で3~12日間行う。また、培養中必要に応じて、ストレプトマイシン、ペニシリン等の抗生物質を培地に添加してもよい。なお、溶存酵素濃度制御、pH制御、温度制御、攪拌などは通常の動物細胞の培養に用いられる方法に準じて行うことができる。

(2) フェドバッヂ培養

15 本発明の細胞の培養方法において使用される無血清培地は、通常の動物細胞の培養に用いられる基礎培地に血清の代わりに、各生理活性物質、栄養因子が添加され且つ通常動物細胞が同化しうる炭素源、窒素源等を含有させたものが用いられる。具体的には、RPMI 1640培地 [The Journal of the American Medical Association, 199, 519 (1967)]、Eagleの
MEM培地[Science, 122, 501 (1952)]、グルベッコ改変MEM培地[Virology, 8, 396 (1959)]、
199培地 [Proceeding of the Society for the Biological Medicine, 73, 1 (1950)]、F12
培地 [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 53, 288 (1965)]、IMDM培地 [J. Experimental Medicine,
20 147, 923 (1978)] 等があげられるが、好ましくは、DMEM培地、F12培地、IMDM培地等が用いられる。上記培地以外に、バッヂ培養で記載した無血清培地を用いてもよい。

無血清培地には、必要に応じて動物細胞の生育に必要な生理活性物質、栄養因子等を添加する。これらの添加物は、予め培養前に培地に含有させるか、または必要に応じて、培養中に培養液へ適宜追加供給する。

25 栄養因子としては、グルコース、アミノ酸、ビタミン等があげられる。

アミノ酸としては、L-アラニン、L-アルギニン、L-アスパラギン、L-アスパラギン酸、L-シスチン、L-グルタミン酸、L-グルタミン、グリシン、L-ヒスチジン、L-イソロイシン、L-ロイシン、L-リジン、L-メチオニン、L-フェニルアラニン、L-プロリン、L-セリン、L-スレオニン、L-トリプトファン、L-チロシン、L-バリン等があげられ、1種または2種以上組み合わせて用いられる。

30 ビタミンとしては、d-ビオチン、D-パントテン酸、コリン、葉酸、myo-イノシトール、ナイアシンアミド、ビリドキサール、リボフラビン、チアミン、シアノコバラミン、DL- α -トコフェロール等があげられ、1種または2種以上組み合わせて用いられる。

35 生理活性物質としては、インスリン、インスリン様増殖因子、トランスフェリン、アルブミン等があげられる。

培地または培養液中の栄養因子の最終添加量として、グルコースは200~6000mg/L、好ましくは1000~5000mg/Lである。

アミノ酸は、例えば、L-アラニン1～960mg/L(好ましくは1～640mg/L)、L-アルギニン-塩酸10～6000mg/L(好ましくは11～4000mg/L)、L-アスパラギン-水和物10～1200mg/L(好ましくは11～800mg/L)、L-アスパラギン酸5～600mg/L(好ましくは5～400mg/L)、L-シスチン二塩酸1
5 5～1200mg/L(好ましくは11～800mg/L)、L-グルタミン酸5～1200mg/L(好ましくは5～800mg/L)、L-グルタミン53～12000(好ましくは55～8000mg/L)、グリシン2～600mg/L(好ましくは2～400mg/L)、
L-ヒスチジン-塩酸二水和物5～1200mg/L(好ましくは5～800mg/L)、L-イソロイシン4～1800mg/L(好ましくは4～1200mg/L)、L-ロイシン1
10 3～1800mg/L(好ましくは14～1200mg/L)、L-リジン-塩酸10～1800mg/L(好ましくは11～1200mg/L)、L-メチオニン4～600mg/L(好
ましくは5～400mg/L)、L-フェニルアラニン5～1200mg/L(好ましくは5～800mg/L)、L-プロリン5～1200mg/L(好ましくは5～800mg/L)、
L-セリン5～1200mg/L(好ましくは5～800mg/L)、L-スレオニン5～1
15 200mg/L(好ましくは5～800mg/L)、L-トリプトファン1～240mg/L(好ましくは1～160mg/L)、L-チロシンニナトリウム二水和物8～1800mg/L(好ましくは8～1200mg/L)、L-バリン12～1800mg/L(好ましくは12～1200mg/L)である。

ビタミンは、例えば、d-ビオチン0.001～2.4mg/L(好ましくは0.001～
20 1.6mg/L)、D-バントテン酸カルシウム0.011～60mg/L(好ましくは0.011～40mg/L)、塩化コリン0.11～9.0mg/L(好ましくは0.11～60mg/L)、葉酸0.01～120mg/L(好ましくは0.01～80mg/L)、myo-イノシトール0.05～1800mg/L(好ましくは0.05～1200mg/L)、ナイアシンアミド0.02～120mg/L(好ましくは0.03～80mg/L)、ビリドキサ
25 ルー-塩酸0.02～90mg/L(好ましくは0.03～60mg/L)、リボフラビン0.01～12mg/L(好ましくは0.01～98mg/L)、チアミン-塩酸0.01～120mg/L(好ましくは0.01～80mg/L)、シアノコバラミン0.001～30mg/L(好ましくは0.001～20mg/L)である。

培地または培養液中への生理活性物質の最終添加量として、例えば、インスリン10～3000mg/L、好ましくは11～2000mg/L、インスリン様増殖因子10～3000mg/L、好ましくは11～2000mg/L、トランスクレーフィン10～3000mg/L、好ましくは11～2000mg/L、アルブミン200～36000mg/L、好ましくは220～24000mg/Lである。

本発明の細胞の培養方法において物質の「最終添加量」は、フェドバッチ培養中に添加する濃縮培養液を最終的に添加し終わった後、培地に含まれる該物質の重量と培養液中に添加した該物質の重量との合計量を、培地量と添加した濃縮培養液量との合計量で除した値として表わされる。

フェドバッチ培養においては、生理活性物質、栄養因子等は通常に使用される濃度よりも高い濃度で添加することが好ましい。例えば、培養液量の1/30～1/3好ましくは1/20～1/5を一回分として添加する。培養液中に添加する場合は、培養期間中、連続的にまたは数回～十数回に分けて追加供給することが好ましい。生理活性物質、栄養因子等を連続的、または間欠的に少量づつ追加供給する上記フェドバッチ培養法は、細胞の代謝効率が高く、培養液中の老廃物が蓄積されることによる培養細胞の到達細胞密度の低下を防止することができ、また、回収された培養液中の所望の糖蛋白質の濃度はバッチ培養法に比べて高濃度であるため、該糖蛋白質の分離・精製が容易になり、バッチ培養に比べ、培地当りの該糖蛋白質の生産量を増大させることができる。

フェドバッチ培養は、通常pH 6～8、30～40℃で、3～12日間行う。また、培養中必要に応じて、ストレプトマイシン、ペニシリン等の抗生物質を培地に添加してもよい。なお、溶存酸素濃度制御、pH制御、温度制御、攪拌などは通常の動物細胞の培養に用いられる方法に準じて行うことができる。

(3) パーフュージョン培養

本発明の細胞の培養方法において使用される無血清培地は、通常の動物細胞の培養に用いられる基礎培地に血清の代わりに、各生理活性物質、栄養因子が添加され且つ通常動物細胞が同化しうる炭素源、窒素源等を含有させたものが用いられる。具体的には、RPMI 1640培地〔The Journal of the American Medical Association, 199, 519 (1967)〕、EagleのMEM培地〔Science, 122, 501 (1952)〕、ダルベッコ改変MEM培地〔Virology, 8, 396 (1959)〕、199培地〔Proceeding of the Society for the Biological Medicine, 73, 1 (1950)〕、F12培地〔Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 53, 288 (1965)〕、IMDM培地〔J. Experimental Medicine, 147, 923 (1978)〕等があげられるが、好ましくは、D MEM培地、F12培地、IMDM培地等が用いられる。上記培地以外に、バッチ培養で記載した無血清培地を用いてもよい。

無血清培地には、必要に応じて動物細胞の生育に必要な生理活性物質、栄養因子等を添加する。これらの添加物は、培養前の培地または培養液中に供給する培地に含有させておくとよい。栄養因子としては、グルコース、アミノ酸、ビタミン等があげられる。

アミノ酸としては、L-アラニン、L-アルギニン、L-アスパラギン、L-アスパラギン酸、L-シスチン、L-グルタルミン酸、L-グルタミン、グリシン、L-ヒスチジン、L-イソロイシン、L-ロイシン、L-リジン、L-メチオニン、L-フェニルアラニン、L-プロリン、L-セリン、L-スレオニン、L-トリプトファン、L-チロシン、L-バリン等があげられ、1種または2種以上組み合わせて用いられる。

ビタミンとしては、d-ビオチン、D-バントテン酸、コリン、葉酸、myo-イノシトール、ナイアシンアミド、ビリドキサール、リボフラビン、チアミン、シアノコバラミン、DL- α -トコフェロール等があげられ、1種または2種以上組み合わせて用いられる。

生理活性物質としては、インスリン、インスリン様増殖因子、トランスフェリン、アルブミン等があげられる。

栄養因子の濃度として、グルコースの濃度は500～6000mg/L、好ましくは1000～2000mg/Lにコントロールされる。

栄養因子としては、アミノ酸、ビタミン等があげられる。他の生理活性物質または栄養因子の添加量は、例えば、インスリン4～560mg/L、好ましくは20～360mg/L、インスリン様増殖因子4～560mg/L、好ましくは20～360mg/L、トランスフェリシン4～560mg/L、好ましくは20～360mg/L、アルブミン80～6500mg/L、好ましくは280～4500mg/Lである。

アミノ酸としては、L-アラニン、L-アルギニン、L-アスパラギン、L-アスパラギン酸、L-シスチン、L-グルタミン酸、L-グルタミン、グリシン、L-ヒスチジン、L-イソロイシン、L-ロイシン、L-リジン、L-メチオニン、L-フェニルアラニン、L-プロリン、L-セリン、L-スレオニン、L-トリプトファン、L-チロシン、L-バリン等があげられ、1種または2種以上組み合わせて用いられる。アミノ酸濃度は、例えば、L-アラニン1～200mg/L(好ましくは2～160mg/L)、L-アルギニン-塩酸10～1140mg/L(好ましくは30～940mg/L)、L-アスパラギン-水和物10～250mg/L(好ましくは20～200mg/L)、L-アスパラギン酸5～148mg/L(好ましくは10～120mg/L)、L-シスチン-塩酸10～350mg/L(好ましくは20～300mg/L)、L-グルタミン酸5～320mg/L(好ましくは10～270mg/L)、L-グルタミン50～3300(好ましくは100～1800mg/L)、グリシン2～148mg/L(好ましくは5～123mg/L)、L-ヒスチジン-塩酸二水和物5～270mg/L(好ましくは10～220mg/L)、L-イソロイシン4～470mg/L(好ましくは4～370mg/L)、L-ロイシン10～470mg/L(好ましくは13～370mg/L)、L-リジン-塩酸10～530mg/L(好ましくは20～480mg/L)、L-メチオニン4～150mg/L(好ましくは4～120mg/L)、L-フェニルアラニン4～310mg/L(好ましくは4～260mg/L)、L-プロリン5～270mg/L(好ましくは10～210mg/L)、L-セリン5～270mg/L(好ましくは10～220mg/L)、L-スレオニン5～350mg/L(好ましくは10～300mg/L)、L-トリプトファン1～65mg/L(好ましくは2～55mg/L)、L-チロシン二ナトリウム二水和物4～470mg/L(好ましくは8～370mg/L)、L-バリン10～450mg/L(好ましくは11～350mg/L)である。

ビタミンとしては、d-ビオチン、D-パントテン酸、コリン、葉酸、myo-イノシトール、ナイアシンアミド、ビリドキサール、リボフラビン、チアミン、シアノコバラミン、DL- α -トコフェロール等があげられ、1種または2種以上組み合わせて用いられる。ビタミンの最終添加量は、例えば、d-ビオチン0.001～0.44mg/L(好ましくは0.02～0.34mg/L)、D-パントテン酸カルシウム0.01～1.6mg/L(好ましくは0.02～1.4mg/L)、塩化コリン0.1～21mg/L(好ましくは30.2～16mg/L)、葉酸0.01～26mg/L(好ましくは0.01～21mg/L)、myo-イノシトール0.05～310mg/L(好ましくは0.05～211mg/L)、ナイアシンアミド0.02～26mg/L(好ましくは0.02～21mg/L)、ビリドキサール-塩酸0.

0.2～2.1 mg/L (好ましくは0.02～1.6 mg/L)、リボフラビン0.01～2.6 mg/L (好ましくは0.01～2.1 mg/L)、チアミン一塩酸0.01～2.6 mg/L (好ましくは0.01～2.1 mg/L)、シアノコバラミン0.001～5 mg/L (好ましくは0.002～3 mg/L)である。

5 本発明の細胞の培養方法において培養液は、通常使われている培養液と細胞を分離する装置により効率的に分離され、濃縮された細胞液が元の培養槽に戻り、減少した分の新鮮培地が新たに供給される。このことにより常に培養環境が良好に保たれる。

本発明の細胞の場合、新鮮培地での培地交換率とは別に、増殖する細胞を細胞の増殖率に合わせて、培養系の外へ捨てるこによって培養系を安定させ、所望の糖蛋白質の生産性を高めることができる。例えば、細胞を系外へ捨てる速度を細胞増殖率に合わせて、目的とする細胞密度が維持されるよう細胞の倍加時間に培養槽にある全細胞の2/5～3/5を系外に出すことで生産性の高い培養が可能となる。

10 本発明において培養は、通常 pH 6～8、30～40 °C 等の条件下で 10～40 日間行う。また、培養中必要に応じて、ストレプトマイシン、ペニシリン等の抗生物質を培地に添加してもよい。なお、溶存酸素濃度制御、pH 制御、温度制御、攪拌などは通常の動物細胞の培養に用いられる方法に準じて行なうことができる。

15 上記のとおり、本発明の α -1, 6-フコース修飾酵素のゲノム遺伝子がノックアウトされた細胞を培養し、所望の糖蛋白質を生成蓄積させ、該培養物より該糖蛋白質を採取することにより、該糖蛋白質を製造することができる。

20 本発明の細胞の培養方法において、細胞を増殖させる場合には、培養液中のインスリン濃度を 1.0 mg/L 以上、好ましくは 2.0 mg/L 以上に維持して培養することが好ましい。一方、所望の糖蛋白質を生産させる場合には、例えば培養液中のインスリン濃度を、1.0 mg/L 以下、好ましくは 5 mg/L 以下に維持して培養することが好ましい。なお、前培養において培地中にインスリンが含まれていれば、抗体の生産性を高めるために、インスリンは添加しないでよいが、通常は培養液中にインスリン濃度を 0.01～1.0 mg/L、好ましくは 0.01～5 mg/L になるように維持することが好ましい。

25 培養液中のインスリン濃度を調節する方法は、インスリンの濃度調整が可能である培養、例えばフェドバッチ培養、バーフージョン培養等の培養方法において、好適に用いられる。

30 なお、細胞の培養方法についても、血清、インスリン、インスリン様増殖因子、トランسفエリン、アルブミン等の蛋白質を添加しない培地を用いて、上述の方法に従って、無血清培地での培養方法と同様の方法を行なうことができる。当該培養方法により、所望の糖蛋白質組成物を製造することができる。

4. 糖蛋白質組成物の活性評価

精製した糖蛋白質組成物の蛋白量、受容体との親和性、血液中での半減期、血液投与後の組織への分布、あるいは薬理活性発現に必要な蛋白質相互作用の変化を測定する方法としては、Current Protocols In Protein Science, John Wiley & Sons Inc., (1995)、日本生化学会編 新生化学実験講座 19 動物実験法、東京化学同人 (1991)、日本生化学会編新生化学実験講座 8 細胞内情報と細胞応答、東京化学同人 (1990)、日本生化学会編 新生化学実験講座 9 ホルモン I

ペプチドホルモン、東京化学同人（1991）、実験生物学講座3 アイソトープ実験法、丸善株式会社（1982）、Monoclonal Antibodies: Principles and Applications, Wiley-Liss, Inc., (1995)、酵素免疫測定法第3版、医学書院（1987）、改訂版 酵素抗体法、学際企画（1985）等に記載の公知の方法を用いることができる。

5 その具体的な例としては、精製した糖蛋白質組成物をラジオアイソトープなどの化合物で標識し、標識した糖蛋白質組成物の受容体あるいは相互作用をする蛋白質との結合反応の強さを定量的に測定する方法があげられる。また、Biacore 社の BIACore シリーズなどの各種装置を用いて、蛋白質蛋白質相互作用を測定することもできる（J. Immunol. Methods, 145, 229 (1991)、実験医学別冊 バイオマニュアルUPシリーズ タンパク質の分子間相互作用実験法、10 羊土社（1996））。

標識した糖蛋白質を体内に投与することで、血液中での半減期あるいは血液投与後の組織への分布を知ることができるが、標識体の検出には、標識物質を検出する方法と検出の対象となる糖蛋白質特異的な抗体抗原反応を組み合わせた系が好ましい。

5. 抗体組成物の活性評価

15 糖蛋白質組成物が抗体組成物である場合、精製した抗体組成物の蛋白量、抗原との結合性あるいはエフェクター機能を測定する方法としては、モノクローナルアンチボディズ、あるいはアンチボディエンジニアリング等に記載の公知の方法を用いることができる。

その具体的な例としては、抗体組成物がヒト化抗体の場合、抗原との結合活性、抗原陽性培養細胞株に対する結合活性はELISA法及び蛍光抗体法【キャンサー・イムノロジー・イムノセラピー（Cancer Immunol. Immunother.）, 36, 373 (1993)】等により測定できる。抗原陽性培養細胞株に対する細胞障害活性は、CDC活性、ADCC活性等を測定することにより、評価することができる【キャンサー・イムノロジー・イムノセラピー（Cancer Immunol. Immunother.）, 36, 373 (1993)】。

25 また、抗体組成物のヒトでの安全性、治療効果は、カニクイザル等のヒトに比較的近い動物種の適当なモデルを用いて評価することができる。

6. 糖蛋白質組成物の糖鎖の分析

各種細胞で発現させた糖蛋白質組成物の糖鎖構造は、通常の糖鎖構造の解析に準じて行うことができる。例えば、IgG分子に結合している糖鎖はガラクトース、マンノース、フコースなどの中性糖、N-アセチルグルコサミンなどのアミノ糖、シアル酸などの酸性糖から構成されており、糖組成分析および二次元糖鎖マップ法などを用いた糖鎖構造解析等の手法を用いて行うことができる。

(1) 中性糖・アミノ糖組成分析

糖蛋白質組成物の糖鎖の組成分析は、トリフルオロ酢酸等で、糖鎖の酸加水分解を行うことにより、中性糖またはアミノ糖を遊離し、その組成比を分析することができる。

35 具体的な方法として、Dionex 社製糖組成分析装置 (BioLC) を用いる方法があげられる。BioLC は HPAEC-PAD (high performance anion-exchange chromatography-pulsed amperometric detection) 法 [ジャーナル・オブ・リキッド・クロマトグラフィー (J. Liq. Chromatogr.) , 6, 1577 (1983)] によって糖組成を分析する装置である。

また、2-アミノピリジンによる蛍光標識化法でも組成比を分析することができる。具体的には、公知の方法 [アグリカルチュラル・アンド・バイオロジカル・ケミストリー (Agric. Biol. Chem.), 55(1), 283-284 (1991)] に従って酸加水分解した試料を 2-アミノピリジル化で蛍光ラベル化し、HPLC 分析して組成比を算出することができる。

5 (2) 糖鎖構造解析

糖蛋白質組成物の糖鎖の構造解析は、2 次元糖鎖マップ法 [アナリティカル・バイオケミストリー (Anal. Biochem.), 171, 73 (1988)、生物化学実験法 23-糖蛋白質糖鎖研究法 (学会出版センター) 高橋禮子編 (1989 年)] により行うことができる。2 次元糖鎖マップ法は、例えば、X 軸には逆相クロマトグラフィー糖鎖の保持時間または溶出位置を、Y 軸には順相クロマトグラフィーによる糖鎖の保持時間または溶出位置を、それぞれプロットし、既知糖鎖のそれらの結果と比較することにより、糖鎖構造を推定する方法である。

具体的には、糖蛋白質組成物をヒドラジン分解して糖鎖を遊離し、2-アミノピリジン (以下、PA と略記する) による糖鎖の蛍光標識 [ジャーナル・オブ・バイオケミストリー (J. Biochem.), 95, 197 (1984)] を行った後、ゲルろ過により糖鎖を過剰の PA 化試葉などと分離し、逆相クロマトグラフィーを行う。次いで、分取した糖鎖の各ピークについて順相クロマトグラフィーを行う。これらの結果をもとに、2 次元糖鎖マップ上にプロットし、糖鎖スタンダード (TaKaRa 社製)、文献 [アナリティカル・バイオケミストリー (Anal. Biochem.), 171, 73 (1988)] とのスポットの比較より糖鎖構造を推定することができる。

さらに各糖鎖の MALDI-TOF-MS などの質量分析を行い、2 次元糖鎖マップ法により推定される構造を確認することができる。

20 7. 糖蛋白質組成物の利用

本発明により製造される糖蛋白質組成物は、フコースが結合していない糖鎖構造を有しており、例えば、受容体との親和性の向上、血中半減期の向上、血中投与後の組織分布の改善、または薬理活性発現に必要な蛋白質との相互作用の向上などの効果が期待でき高い生理活性を示す。特に、抗体組成物の場合は、高いエフェクター機能、すなわち ADCC 活性を有している。これら生理活性の高い糖蛋白質、特に高い ADCC 活性を有する抗体組成物は、癌、炎症疾患、自己免疫疾患、アレルギーなどの免疫疾患、循環器疾患、またはウィルスあるいは細菌感染をはじめとする各種疾患の予防および治療において有用である。

癌、すなわち悪性腫瘍では癌細胞が増殖している。通常の抗癌剤は癌細胞の増殖を抑制することを特徴とする。しかし、高い ADCC 活性を有する抗体は、殺細胞効果により癌細胞を障害することにより癌を治療することができるため、通常の抗癌剤よりも治療薬として有効である。特に癌の治療薬において、現状では抗体医薬単独の抗腫瘍効果は不充分な場合が多く化学療法との併用療法が行われているが [サイエンス (Science), 280, 1197, 1998]、本発明により製造される抗体組成物は高い抗腫瘍効果を有するため、化学療法に対する依存度が低くなり、副作用の低減にもつながる。

炎症疾患、自己免疫疾患、アレルギーなどの免疫疾患において、それら疾患における生体内反応は、免疫細胞によるメディエータ分子の放出により惹起されるため、高い ADCC 活性を有する抗体を用いて免疫細胞を除去することにより、アレルギー反応を抑えることができる。

循環器疾患としては、動脈硬化などがあげられる。動脈硬化は、現在パルーンカテーテルによる治療を行なうが、治療後の再狭窄での動脈細胞の増殖を高い抗体依存性細胞障害活性を有する抗体を用いて抑えることにより、循環器疾患を予防および治療することができる。

5 ウィルスまたは細菌に感染した細胞の増殖を、高い抗体依存性細胞障害活性を有する抗体を用いて抑えることにより、ウィルスまたは細菌感染をはじめとする各種疾患を予防および治療することができる。

腫瘍関連抗原を認識する抗体、アレルギーあるいは炎症に関連する抗原を認識する抗体、循環器疾患に関連する抗原を認識する抗体、自己免疫疾患に関連する抗原を認識する抗体、またはウイルスあるいは細菌感染に関連する抗原を認識する抗体の具体例を以下に述べる。

10 腫瘍関連抗原を認識する抗体としては、抗GD2抗体(Anticancer Res., 13, 331, 1993)、抗GD3抗体(Cancer Immunol. Immunother., 36, 260, 1993)、抗GM2抗体(Cancer Res., 54, 1511, 1994)、抗HER2抗体(Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 89, 4285, 1992)、抗CD52抗体(Nature, 332, 323, 1988)、抗MAGE抗体(British J. Cancer, 83, 493, 2000)、抗HM1.24抗体(Molecular Immunol., 36, 387, 1999)、抗副甲状腺ホルモン関連蛋白(PTHrP)抗体(Cancer, 88, 2909, 2000)、抗FGF8抗体(Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 86, 9911, 1989)抗塩基性纖維芽細胞増殖因子抗体、抗FGF8受容体抗体(J. Biol. Chem., 265, 16455, 1990)、抗塩基性纖維芽細胞増殖因子受容体抗体、抗インスリン様増殖因子抗体(J. Neurosci. Res., 40, 647, 1995)、抗インスリン様増殖因子受容体抗体(J. Neurosci. Res., 40, 647, 1995)、抗PMSA抗体(J. Urology, 160, 2396, 1998)、抗血管内皮細胞増殖因子抗体(Cancer Res., 57, 4593, 1997)または抗血管内皮細胞増殖因子受容体抗体(Oncogene, 19, 2138, 2000)、抗CA125抗体、抗17-1A抗体、抗インテグリン $\alpha v\beta 3$ 抗体、抗CD33抗体、抗CD22抗体、抗HLA抗体、抗HLA-DR抗体、抗CD20抗体、抗CD19抗体、抗EGF受容体抗体(Immunology Today, 21, 403, 2000)、抗CD10抗体(American Journal of Clinical Pathology, 113, 374, 2000)などがあげられる。

25 アレルギーあるいは炎症に関連する抗原を認識する抗体としては、抗インターロイキン6抗体(Immunol. Rev., 127, 5, 1992)、抗インターロイキン6受容体抗体(Molecular Immunol., 31, 371, 1994)、抗インターロイキン5抗体(Immunol. Rev., 127, 5, 1992)、抗インターロイキン5受容体抗体、抗インターロイキン4抗体(Cytokine, 3, 562, 1991)、抗インターロイキン4受容体抗体(J. Immunol. Meth., 217, 41, 1998)、抗腫瘍壞死因子抗体(Hybridoma, 13, 183, 1994)、抗腫瘍壞死因子受容体抗体(Molecular Pharmacol., 58, 237, 2000)、抗CCR4抗体(Nature, 400, 776, 1999)、抗ケモカイン抗体(J. Immunol. Meth., 174, 249, 1994)、抗ケモカイン受容体抗体(J. Exp. Med., 186, 1373, 1997)、抗IgE抗体、抗CD23抗体、抗CD11a抗体(Immunology Today, 21, 403, 2000)、抗CRTH2抗体(J. Immunol., 162, 1278, 1999)、抗CCR8抗体(WO99/25734)、抗CCR3抗体(US6207155)などがあげられる。

35 循環器疾患に関連する抗原を認識する抗体としては、抗GPIIb/IIIa抗体(J. Immunol., 152, 2968, 1994)、抗血小板由来増殖因子抗体(Science, 253, 1129, 1991)、抗血小板由来増殖因子受容体抗体(J. Biol. Chem., 272, 17400, 1997)または抗血液凝固因子抗体(Circulation, 101, 1158, 2000)などがあげられる。

自己免疫疾患（具体的な例としては、乾癬、関節リウマチ、クローン病、潰瘍性大腸炎、全身性エリテマトーデス、多発性硬化症など）に関連する抗原を認識する抗体としては、抗自己DNA抗体（*Immunol. Letters*, 72, 61, 2000）、抗CD11a抗体、抗ICAM3抗体、抗CD80抗体、抗CD2抗体、抗CD3抗体、抗CD4抗体、抗インテグリン $\alpha 4\beta 7$ 抗体、抗CD40L抗体、抗IL-2受容体抗体（*Immunology Today*, 21, 403, 2000）などがあげられる。

ウイルスあるいは細菌感染に関連する抗原を認識する抗体としては、抗gp120抗体（*Structure*, 8, 385, 2000）、抗CD4抗体（*J. Rheumatology*, 25, 2065, 1998）、抗CCR4抗体、抗ペコ毒素抗体（*J. Clin. Microbiol.*, 37, 396, 1999）などがあげられる。

上記抗体は、ATCC（The American Type Culture Collection）、理化学研究所細胞開発銀行、工業技術院生命工業技術研究所等の公的な機関、あるいは大日本製薬株式会社、R&D SYSTEMS社、PharMingen社、コスマバイオ社、フナコシ株式会社等の民間試薬販売会社から入手することができる。

本発明の糖蛋白質組成物を含有する医薬は、治療薬として単独で投与することも可能ではあるが、通常は薬理学的に許容される一つあるいはそれ以上の担体と一緒に混合し、製剤学の技術分野においてよく知られる任意の方法により製造した医薬製剤として提供するのが望ましい。

投与経路は、治療に際して最も効果的なものを使用するのが望ましく、経口投与、または口腔内、気道内、直腸内、皮下、筋肉内および静脈内等の非経口投与をあげることができ、糖蛋白質製剤の場合、望ましくは静脈内投与をあげることができる。

投与形態としては、噴霧剤、カプセル剤、錠剤、顆粒剤、シロップ剤、乳剤、座剤、注射剤、軟膏、テーブ剤等があげられる。

経口投与に適当な製剤としては、乳剤、シロップ剤、カプセル剤、錠剤、散剤、顆粒剤等があげられる。

乳剤およびシロップ剤のような液体調製物は、水、ショ糖、ソルビトール、果糖等の糖類、ポリエチレングリコール、プロピレングリコール等のグリコール類、ごま油、オリーブ油、大豆油等の油類、p-ヒドロキシ安息香酸エステル類等の防腐剤、ストロベリーフレー・バー、ベーミント等のフレーバー類等を添加剤として用いて製造できる。

カプセル剤、錠剤、散剤、顆粒剤等は、乳糖、ブドウ糖、ショ糖、マンニトール等の賦形剤、デンプン、アルギン酸ナトリウム等の崩壊剤、ステアリン酸マグネシウム、タルク等の滑沢剤、ポリビニルアルコール、ヒドロキシプロビルセルロース、ゼラチン等の結合剤、脂肪酸エステル等の界面活性剤、グリセリン等の可塑剤等を添加剤として用いて製造できる。

非経口投与に適当な製剤としては、注射剤、座剤、噴霧剤等があげられる。

注射剤は、塩溶液、ブドウ糖溶液、あるいは両者の混合物からなる担体等を用いて調製される。または、糖蛋白質組成物を常法に従って凍結乾燥し、これに塩化ナトリウムを加えることによって粉末注射剤を調製することもできる。

座剤はカカオ脂、水素化脂肪またはカルボン酸等の担体を用いて調製される。

また、噴霧剤は該糖蛋白質組成物そのもの、ないしは受容者の口腔および気道粘膜を刺激せず、かつ該糖蛋白質組成物を微細な粒子として分散させ吸収を容易にさせる担体等を用いて調製される。

担体として具体的には乳糖、グリセリン等が例示される。該糖蛋白質組成物および用いる担体の性質により、エアロゾル、ドライパウダー等の製剤が可能である。また、これらの非経口剤においても経口剤で添加剤として例示した成分を添加することもできる。

投与量または投与回数は、目的とする治療効果、投与方法、治療期間、年齢、体重等により異なるが、通常成人 1 日当たり $10\mu\text{g}/\text{kg}$ ～ $20\text{mg}/\text{kg}$ である。

また、抗体組成物の各種腫瘍細胞に対する抗腫瘍効果を検討する方法は、インビトロ実験としては、CDC 活性測定法、ADCC 活性測定法等があげられ、インビボ実験としては、マウス等の実験動物での腫瘍系を用いた抗腫瘍実験等があげられる。

CDC 活性、ADCC 活性、抗腫瘍実験は、文献[キャンサー・イムノロジー・イムノセラピー(Cancer Immunology Immunotherapy), 36, 373 (1993); キャンサー・リサーチ(Cancer Research), 54, 1511 (1994)] 等記載の方法に従って行うことができる。

図面の簡単な説明

図 1 は、プラスミド pKOFUT8Neo の構築を示した図である。

図 2 は、プラスミド pBs-2B8L の構築を示した図である。

図 3 は、プラスミド pBs-2B8H およびプラスミド pBs-2B8Hm の構築を示した図である。

図 4 は、プラスミド pKANTEX2B8P の構築を示した図である。

図 5 は、CHO/DG44 細胞由来 FUT8 遺伝子ダブルノックアウト株より精製した抗 CD20 キメラ抗体のヒト B リンパ球培養細胞株 Raji に対する ADCC 活性を示した図である。縦軸に細胞障害活性、横軸に抗体濃度をそれぞれ示す。

図 6 は、無蛋白培地馴化細胞を無蛋白培地で継代した際の、生細胞密度、生存率の推移を示したものである。

図 7 は、無蛋白培地馴化細胞のフェドバッチ培養における、生細胞密度、生存率の推移を示したものである。

図 8 は、無血清培地に馴化した Ms704/CD20 株を用いて浮遊攪拌リアクター無血清フェドバッチ培養を行った際の、生細胞密度 (A)、細胞生存率 (B)、累積生細胞密度 (C)、抗体濃度 (D) の推移を示した図である。各グラフの横軸は、培養開始後の培養日数を示す。

図 9 は、精製した 2 種類の抗 CD20 ヒト型キメラ抗体の、ヒト末梢血中での B 細胞に対する ADCC 活性を示した図である。グラフ縦軸に、リンパ球画分中の CD2 隣性 CD19 陽性ヒト B 細胞の比率、横軸に抗体濃度をそれぞれ示す。○は無血清培地に馴化した Ms704/CD20 株を用い浮遊攪拌リアクター無血清フェドバッチ培養法にて製造した抗 CD20 ヒト型キメラ抗体 (Ms704/CD20 抗体)、●は親株である CHO/DG44 細胞で製造した抗 CD20 ヒト型キメラ抗体 (DG44/CD20 抗体) の活性をそれぞれ示す。

図 10 は、精製した 2 種類の抗 CD20 ヒト型キメラ抗体の、WIL2-S 細胞に対する in vitro ADCC 活性を示した図である。グラフ縦軸に細胞傷害活性、横軸に抗体濃度をそれぞれ示す。○は Ms704/CD20 抗体、●は DG44/CD20 抗体の活性をそれぞれ示す。

図 11 は、 3.7ng/mL の Ms704/CD20 抗体に $0\sim300\text{ng/mL}$ の DG44/CD20 抗体を添加して調製した抗 CD20 ヒト型キメラ抗体組成物の、WIL2-S 細胞に対する in vitro ADCC 活性を示した図である。

グラフ縦軸に細胞傷害活性、横軸に添加した DG44/CD20 抗体の抗体濃度をそれぞれ示す。図中の※は、フコース非結合型糖鎖を有する抗体の割合が 20%以上の抗体組成物を示す。

図 12 は、Ms704/CD20 抗体のみからなる抗体組成物と、Ms704/CD20 抗体に 9 倍量の DG44/CD20 抗体を混合した抗体組成物の、WIL2-S 細胞に対する *in vitro* ADCC 活性を示した図である。グ

ラフ縦軸に細胞傷害活性を示す。グラフ横軸に示した数値は、上段から Ms704/CD20 抗体の濃度、添加した DG44/CD20 抗体の濃度、総抗体濃度をそれぞれ示す。□は Ms704/CD20 抗体のみからなる抗体組成物、■は Ms704/CD20 抗体に 9 倍量の DG44/CD20 抗体を混合した抗体組成物の活性を示す。

10 発明を実施するための最良の形態

以下の実施例により本発明をより具体的に説明するが、実施例は本発明の単なる例示を示すものにすぎず、本発明の範囲を限定するものではない。

実施例 1 ゲノム上に存在する全ての FUT8 遺伝子を破壊した CHO/DG44 細胞の造成

15 α-1, 6-フコシルトランスフェラーゼ (FUT8) 両対立遺伝子の翻訳開始コドンを含むゲノム領域を欠失した CHO/DG44 細胞株を以下の手順で造成した。

1. チャイニーズハムスター-FUT8 遺伝子エクソン 2 ターゲティングベクターブラスミド pKOFUT8Neo の構築

W002/31140 の実施例 13 の 1 項に記載の方法により構築したチャイニーズハムスター-FUT8 遺伝子エクソン 2 ターゲティングベクターブラスミド pKOFUT8Puro およびプラスミド

pKOSelectNeo (Lexicon 社製) を用いて、以下の様にしてプラスミド pKOFUT8Neo を構築した。

20 ブラスミド pKOSelectDT (Lexicon 社製) 1.0 μ g を 16 単位の制限酵素 AscI (New England Biolabs 社製) を用いて 37°C で 2 時間反応させた。該反応液をアガロースゲル電気泳動した後、QIAquick Gel Extraction Kit (QIAGEN 社製) を用いて、ネオマイシン耐性遺伝子発現ユニットを含む約 1.6Kb の AscI 断片を回収した。

次に、プラスミド pKOFUT8Puro 1.0 μ g を 16 単位の制限酵素 AscI (New England Biolabs 社製) を用いて 37°C で 2 時間反応させた。消化反応後、大腸菌 C15 株由来 Alkaline Phosphatase (宝酒造社製) を用いて、添付の説明書に従い、DNA 末端を脱リン酸化させた。反応後、フェノール/クロロホルム抽出処理およびエタノール沈殿を用いて、DNA 断片を回収した。

30 上記で得たプラスミド pKOSelectNeo 由来の AscI 断片 (約 1.6Kb) 0.1 μ g とプラスミド pKOFUT8Puro 由来の AscI 断片 (約 10.1Kb) 0.1 μ g に滅菌水を加えて 5 μ L とし、Ligation High (東洋紡社製) 5 μ L を加えて 16°C で 30 分間反応させた。この様にして得られた組換えプラスミド DNA を用いて大腸菌 DH5 α 株を形質転換した。形質転換株のクローニングにより各プラスミド DNA を調製し、Bigdye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit v2.0 (Applied Biosystems 社製) を用いて添付の説明書に従って反応後、同社の DNA シーケンサ ABI PRISM 377 により塩基配列を解析した。こうして目的の塩基配列を有する図 1 に示したプラスミド pKOFUT8Neo を得た。該プラスミドは CHO 細胞の FUT8 遺伝子ノックアウト細胞を作製するためのターゲティングベクターとして用いた。

2. ゲノム上の FUT8 遺伝子を 1 コピー破壊した CHO 細胞の作製

(1) ターゲティングベクター pKOFUT8Neo 導入株の取得

ジヒドロ葉酸還元酵素遺伝子 (dhfr) を欠損したチャイニーズハムスター卵巣由来 CHO/DG44 細胞 [Somatic Cell and Molecular Genetics, 12, 555, 1986] に対し、実施例 1 の 1 項で構築したチャイニーズハムスター-FUT8 ゲノム領域ターゲティングベクター pKOFUT8Neo を以下の様にして導入した。

プラスミド pKOFUT8Neo 280 μg を 400 単位の制限酵素 SalI (New England Biolabs 社製) を加えて 37°C で 5 時間反応させて直線化した後、4 μg を 1.6 × 10⁶ 細胞へエレクトロポレーション法 [サイトテクノロジー (Cytotechnology), 3, 133 (1990)] により導入後、IMDM-dFBS (10)-HT (1) [透析 FBS (インピトロジェン社製) を 10%、HT supplement (インピトロジェン社製) を 1 倍濃度で含む IMDM 培地 (インピトロジェン社製)] に懸滴し、接着細胞培養用 10cm デッシュ (Falcon 社製) へ播種した。5% CO₂ インキュベーター内で 37°C、24 時間培養後、G418 (ナカライトスク社製) を 600 μg/mL の濃度で含む IMDM-dFBS (10) [透析 FBS を 10% で含む IMDM 培地] 10mL に培地交換した。この培地交換作業を 3~4 日毎に繰り返しながら 15 日間の培養を行い、G418 耐性クローニングを取得した。

(2) ゲノム PCR による相同組換えの診断

本項(1)で取得した G418 耐性クローニングに対し、ゲノム PCR による相同組換えの診断を以下の様にして行った。

96 穴プレートに得た G418 耐性クローニングに対しトリプシン処理を行った後、2 倍量の凍結培地 [20% DMSO、40% ウシ胎児血清、40% IMDM] と混和した。このうち半量を接着細胞用平底 96 穴プレート (旭テクノグラス社製) へ播種してレプリカプレートとする一方、残りの半量をマスタープレートとして凍結保存に供した。

レプリカプレート上のネオマイシン耐性クローニングは、600 μg/mL G418 を含む IMDM-dFBS (10) を用いて 1 週間培養した後、細胞を回収し、回収した細胞から公知の方法 [アナリティカル・バイオケミストリー (Analytical Biochemistry), 201, 331 (1992)] に従って各クローニングのゲノム DNA を調製し、各々 TE-RNase 緩衝液 (pH8.0) [10mmol/L Tris-HCl, 1mmol/L EDTA, 200 μg/mL RNase A] 30 μL に一晩溶解した。

ゲノム PCR に用いるプライマーは以下のように設計した。まず、W002/31140 の実施例 12 に記載の方法により取得した FUT8 ゲノム領域 (配列番号 9) のうち、ターゲティングベクター相同領域を越えた部分の配列に結合するプライマー (配列番号 10 または配列番号 11) およびベクター内配列に結合するプライマー (配列番号 12 または配列番号 13) を調製した。それらを用いて、以下のポリメラーゼ連鎖反応 (PCR) を行った。即ち、上記で調製したゲノム DNA 溶液を各々 10 μL 含む 25 μL の反応液 (DNA ポリメラーゼ ExTaq (宝酒造社製)、ExTaq buffer (宝酒造社製)、0.2mmol/L dNTPs、0.5 μmol/L 上記遺伝子特異的プライマー (フォワードプライマーは配列番号 10 または配列番号 11、リバースプライマーは配列番号 12 または配列番号 13)] を調製し、94°C で 3 分間の加熱の後、94°C で 1 分間、60°C で 1 分間、72°C で 2 分間からなる反応を 1 サイクルとした条件で PCR を行った。

PCR 後、反応液を 0.8% (w/v) アガロースゲル電気泳動に供し、CHO 細胞ゲノム領域とターゲティングベクター相同領域との境界部を含む約 1.7Kb の特異的增幅が認められるものを陽性クローンと判定した。

(3) ゲノムサザンプロットによる相同組換えの診断

5 本項(2)で陽性が確認されたクローンに対し、ゲノムサザンプロットによる相同組換えの診断を以下の様にして行った。

本項(2)で凍結保存したマスタープレートのうち、本項(2)で見出された陽性クローンを含む 96 穴プレートを選択し、5% CO₂、37°C の条件下で 10 分間静置後、陽性クローンに該当するウェルから細胞を接着細胞用平底 24 穴プレート（グライナー社製）へ播種した。600 μg/mL の濃度で含む IMDM-dFBS (10) を用いて 1 週間培養した後、接着細胞用平底 6 穴プレート（グライナー社製）へ播種した。該プレートより公知の方法【ヌクレオイック・アシッド・リサーチ (Nucleic Acids Research), 3, 2303, (1976)】に従って各クローンのゲノム DNA を調製し、各々 TE-RNase 緩衝液 (pH8.0) [10mmol/L Tris-HCl, 1mmol/L EDTA, 200 μg/mL RNase A] 150 μL に一晩溶解した。

15 上記で調製したゲノム DNA 12 μg を 25 単位の制限酵素 BamHI (New England Biolabs 社製) を加えて 37°C で一晩消化反応を行った。該反応液よりエタノール沈殿法を用いて DNA 断片を回収した後、TE 緩衝液 (pH8.0) [10mmol/L Tris-HCl, 1mmol/L EDTA] 20 μL に溶解し、0.6% (w/v) アガロースゲル電気泳動に供した。泳動後、公知の方法【プロシーディングス・オブ・ザ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンス (Proc. Natl. Acad. Sci. USA), 76, 3683, (1979)】に従い、ナイロン膜へゲノム DNA を転写した。転写終了後、ナイロン膜に対し 80°C で 2 時間の熱処理を行った。

一方、サザンプロットに用いるプローブを以下のように調製した。まず、W002/31140 の実施例 12 に記載の方法により取得した PUT8 ゲノム領域（配列番号 9）のうち、ターゲティングベクター相同領域を越えた部分の配列に結合するプライマー（配列番号 14 および配列番号 15）を用いて、以下の PCR を行った。即ち、W002/31140 の実施例 12 に記載の方法により構築したプラスミド pPUT8fgE2-2 4.0ng を含む 20 μL の反応液 [DNA ポリメラーゼ ExTaq (宝酒造社製)、ExTaq buffer (宝酒造社製)、0.2mmol/L dNTPs、0.5 μmol/L 上記遺伝子特異的プライマー（配列番号 14 および配列番号 15）] を調製し、94°C で 1 分間の加熱の後、94°C で 30 秒間、55°C で 30 秒間、74°C で 1 分間からなる反応を 1 サイクルとした 25 サイクルの条件で PCR を行った。

30 PCR 後、反応液を 1.75% (w/v) アガロースゲル電気泳動に供し、約 230bp のプローブ DNA 断片を精製した。得られたプローブ DNA 溶液 5 μL に対し、[α-³²P] dCTP 1.75MBq および Megaprime DNA Labelling system, dCTP (Amersham Pharmacia Biotech 社製) を用いて放射線標識した。

ハイブリダイゼーションは以下のように行った。まず、上記のナイロン膜をローラーポトルへ封入し、ハイブリダイゼーション液 [5×SSPE, 50×Denhardt's 液、0.5% (w/v) SDS、100 μg/mL サケ精子 DNA] 15mL を加えて 65°C で 3 時間のプレハイブリダイゼーションを行った。次に、³²P 標識したプローブ DNA を熱変性してポトルへ投入し、65°C で一晩加温した。

ハイブリダイゼーション後、ナイロン膜を 2×SSC-0.1% (w/v) SDS 50mL に浸漬し、65°C で 15 分間加温した。上記の洗浄操作を 2 回繰り返した後、膜を 0.2×SSC-0.1% (w/v) SDS 50mL

に浸漬し、65°Cで15分間加温した。洗浄後、ナイロン膜をX線フィルムへ-80°Cで暴露し現像した。

親株であるCHO/DG44細胞、および本項(2)で取得した陽性クローンである50-10-104株のゲノムDNAを本法により解析した。CHO/DG44細胞では、野生型FUT8対立遺伝子由来の約25.5Kbの断片のみが検出された。一方、陽性クローン50-10-104株では、野生型FUT8対立遺伝子由来の約25.5Kbの断片に加え、相同組換えされた対立遺伝子に特異的な約20.0Kbの断片が検出された。両断片の量比は1:1であったことから、50-10-104株は、FUT8対立遺伝子のうち1コピ一が破壊されたヘミノックアウトクローンであることが確認された。

3. ゲノム上のFUT8遺伝子をダブルノックアウトしたCHO/DG44細胞の作製

10 (1) ターゲティングベクター-pKOFUT8Puro導入株の取得

実施例1の2項(2)で得たFUT8ヘミノックアウトクローン50-10-104に対し、W002/31140の実施例13の1項に記載の方法により構築したチャニーズハムスターFUT8遺伝子エクソン2ターゲティングベクタープラスミドpKOFUT8Puroを以下の様にして導入した。

プラスミドpKOFUT8Puro 440μgを800単位の制限酵素SalI(New England Biolabs社製)を加えて37°Cで5時間反応させて直線化した後、4μgを1.6×10⁶細胞へエレクトロポレーション法[サイトテクノロジー(Cytotechnology), 3, 133 (1990)]により導入後、IMDM-dFBS(10)-HT(1)に懸濁し、接着細胞培養用10cmディッシュ(Falcon社製)へ播種した。5%CO₂インキュベーター内で37°C、24時間培養後、ピューロマイシン(SIGMA社製)を15μg/mLの濃度で含むIMDM-dFBS(10)-HT(1)10mLに培地交換した。

20 この培地交換作業を7日毎に繰り返しながら15日間の培養を行い、薬剤耐性クローンを取得了。

(2) ゲノムサザンプロットによる相同組換えの診断

本項(1)で得た薬剤耐性クローンに対し、以下の手順でゲノムサザンプロットによる相同組換えの診断を行った。

25 ピューロマイシン耐性クローンが出現した10cmディッシュより培養上清を除去し、リン酸緩衝液7mLを注入した後、実体顕微鏡下に移した。次にピベットマン(GILSON社製)を用いてコロニーを搔き取って吸い込み、丸底96穴プレート(Falcon社製)へ採取した。トリプシン処理を行った後、接着細胞用平底96穴プレート(旭テクノグラス社製)へ各クローンを播種し、ピューロマイシン(SIGMA社製)を15μg/mLの濃度で含むIMDM-dFBS(10)-HT(1)を用いて1週間培養した。

培養後、上記プレートの各クローンに対しトリプシン処理を行い、接着細胞用平底24穴プレート(Greiner社製)へ播種した。ピューロマイシン(SIGMA社製)を15μg/mLの濃度で含むIMDM-dFBS(10)-HT(1)を用いて1週間培養した後、接着細胞用平底6穴プレート(Greiner社製)へ播種した。該プレートより公知の方法[ヌクレイック・アシッド・リサーチ(Nucleic Acids Research), 3, 2303, (1976)]に従って各クローンのゲノムDNAを調製し、各々TE-RNase緩衝液(pH8.0)150μLに一晩溶解した。

上記で調製したゲノムDNA 12μgを25単位の制限酵素BamHI(New England Biolabs社製)を加えて37°Cで一晩消化反応を行った。該反応液よりエタノール沈殿法を用いてDNA断片を回収

した後、TE 緩衝液(pH8.0) 20 μL に溶解し、0.6% (w/v) アガロースゲル電気泳動に供した。泳動後、公知の方法 [プロシーディングス・オブ・ザ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンス(Proc. Natl. Acad. Sci. USA), 76, 3683, (1979)] に従い、ナイロン膜へゲノム DNA を転写した。転写終了後、ナイロン膜に対し 80°C で 2 時間の熱処理を行った。

一方、サザンプロット用に用いるプローブを以下のように調製した。まず、FUT8 ゲノム領域のうちターゲティングベクター相同領域を越えた部分の配列に結合するプライマー (配列番号 16 および配列番号 17) を用いて、以下の PCR を行った。即ち、W002/31140 の実施例 12 に記載の方法により構築したプラスミド pFUT8fgE2-2 4.0ng を含む 20 μL の反応液 [DNA ポリメラーゼ ExTaq(宝酒造社製)、ExTaq buffer(宝酒造社製)、0.2mmol/L dNTPs、0.5 μmol/L 上記遺伝子特異的プライマー (配列番号 16 および配列番号 17)] を調製し、94°C で 1 分間の加熱の後、94°C で 30 秒間、55°C で 30 秒間、74°C で 1 分間からなる反応を 1 サイクルとした 25 サイクルの条件で PCR を行った。PCR 後、反応液を 1.75% (w/v) アガロースゲル電気泳動に供し、約 230bp のプローブ DNA 断片を精製した。得られたプローブ DNA 溶液 5 μL に対し、[α -³²P] dCTP 1.75MBq および Megaprime DNA Labelling system, dCTP (Amersham Pharmacia Biotech 社製) を用いて放射線標識した。

ハイブリダイゼーションは以下のように行った。まず、上記のナイロン膜をローラーポトルへ封入し、ハイブリダイゼーション液 [5×SSPE、50×Denhardt's 液、0.5% (w/v) SDS、100 μg/mL サケ精子 DNA] 15mL を加えて 65°C で 3 時間のプレハイブリダイゼーションを行った。次に、³²P 標識したプローブ DNA を熱変性してポトルへ投入し、65°C で一晩ハイブリダイゼーションを行なった。

ハイブリダイゼーション後、ナイロン膜を 2×SSC-0.1% (w/v) SDS 50mL に浸漬し、65°C で 15 分間加温した。上記の洗浄操作を 2 回繰り返した後、膜を 0.2×SSC-0.1% (w/v) SDS 50mL に浸漬し、65°C で 15 分間加温した。洗浄後、ナイロン膜を X 線フィルムへ -80°C で暴露し現像した。

50-10-104 株から本項(1)に記載の方法により取得したピューロマイシン耐性クローンの 1 つである WK704 株のゲノム DNA を本法により解析した。WK704 株では、野生型 FUT8 対立遺伝子由来の約 25.5Kb の断片が消失し、相同組換えされた対立遺伝子に特異的な約 20.0Kb の断片のみが検出された。この結果から WK704 株は、FUT8 両対立遺伝子が破壊されたクローンであることが確認された。

30 4. FUT8 遺伝子をダブルノックアウトした細胞からの薬剤耐性遺伝子の除去

(1) Cre リコンビナーゼ発現ベクターの導入

実施例 1 の 3 項で作製した FUT8 ダブルノックアウトクローンのうち WK704 に対し、Cre リコンビナーゼ発現ベクター pBS185 (Life Technologies 社製) を以下の様にして導入した。

プラスミド pBS185 4 μg を 1.6×10^6 細胞へエレクトロボレーション法 [サイトテクノロジー (Cytotechnology), 3, 133 (1990)] により導入後、IMDM-dFBS (10)-HT (1) 10mL に懸濁し、さらに同培地を用いて 2 万倍希釈した。該希釈液を接着細胞培養用 10cm ディッシュ (Falcon 社製) 7 枚へ播種後、5% CO₂、37°C の条件下で 10 日間の培養を行い、コロニーを形成させた。

(2) Cre リコンビナーゼ発現ベクター導入株の取得

WK704 に対し遺伝子導入して得たコロニーより任意のクローンを以下の手順で採取した。まず、10cm ディッシュより培養上清を除去し、リン酸緩衝液 7mL を注入した後、実体顕微鏡下に移した。次にピベットマン (GILSON 社製) を用いてコロニーを搔き取って吸い込み、丸底 96 穴プレート (Falcon 社製) へ採取した。トリプシン処理を行った後、接着細胞用平底 96 穴プレート (岩城硝子社製) へ各クローンを播種し、IMDM-dFBS (10)-HT (1) を用いて 1 週間培養した。

培養後、上記プレートの各クローンに対しトリプシン処理を行い、2 倍量の凍結培地 [20% DMSO、40% ウシ胎児血清、40% IMDM] と混和した。このうち半量を接着細胞用平底 96 穴プレート (岩城硝子社製) へ播種してレプリカプレートを作製する一方、残りの半量をマスタープレートとして凍結保存に供した。

次にレプリカプレートを、G418 を $600\mu\text{g}/\text{mL}$ 、ビューロマイシンを $15\mu\text{g}/\text{mL}$ の濃度で含む IMDM-dFBS (10)-HT (1) を用いて 7 日間培養した。Cre リコンビナーゼの発現により loxP 配列に挟まれた両対立遺伝子上の薬剤耐性遺伝子が除去された陽性クローンは、G418 およびビューロマイシン存在下で死滅する。本ネガティブ選択法により陽性クローンを選択した。

15 (3) ゲノムサザンプロットによる薬剤耐性遺伝子除去の診断

本項(2)で見出された陽性クローン (4-5-C3) に対し、以下の手順でゲノムサザンプロットによる薬剤耐性遺伝子除去の診断を行った。

本項(2)で凍結保存したマスタープレートのうち、上記陽性クローンを含む 96 穴プレートを選択し、5% CO₂、37°C の条件下で 10 分間静置した。静置後、上記クローンに該当するウェルから細胞を接着細胞用平底 24 穴プレート (Greiner 社製) へ播種した。10% ウシ胎児血清 (Invitrogen 社製) より 1 倍濃度の HT supplement (Invitrogen 社製) を添加した IMDM 培地 (Invitrogen 社製) を用いて 1 週間培養した後、接着細胞用平底 6 穴プレート (Greiner 社製) へ播種した。該プレートより公知の方法 [スクレイック・アッシュ・リサーチ (Nucleic Acids Research), 3, 2303, (1976)] に従って各クローンのゲノム DNA を調製し、各々 TE-RNase 緩衝液 (pH 8.0) 150 μL に一晩溶解した。

上記で調製したゲノム DNA 12 μg を 20 単位の制限酵素 NheI (New England Biolabs 社製) を加えて 37°C で一晩消化反応を行った。該反応液よりエタノール沈殿法を用いて DNA 断片を回収した後、TE 緩衝液 (pH 8.0) 20 μL に溶解し、0.6% (w/v) アガロースゲル電気泳動に供した。泳動後、公知の方法 [プロシーディングス・オブ・ザ・ナショナル・アカデミー・オブ・サイエンス (Proc. Natl. Acad. Sci. USA), 76, 3683, (1979)] に従い、ナイロン膜へゲノム DNA を転写した。転写終了後、ナイロン膜に対し 80°C で 2 時間の熱処理を行い、固定化した。

一方、サザンプロット用に用いるプローブを以下のように調製した。まず、FUT8 ゲノム領域のうちターゲティングベクター相同領域を越えた部分の配列に結合するプライマー (配列番号 16 よりび配列番号 17) を用いて、以下の PCR を行った。即ち、実施例 1 の 1 項(2)で得たプラスミド pFUT8fgE2-2 4.0ng を含む 20 μL の反応液 [DNA ポリメラーゼ ExTaq (宝酒造社製)、ExTaq buffer (宝酒造社製)、0.2mmol/L dNTPs、0.5 μmol/L 上記遺伝子特異的プライマー (配列番号 16 よりび配列番号 17)] を調製し、94°C で 1 分間の加熱の後、94°C で 30 秒間、55°C で 30 秒間、74°C で 1 分間からなる反応を 1 サイクルとした 25 サイクルの条件で PCR を行った。PCR 後、反

応液を 1.75% (w/v) アガロースゲル電気泳動に供し、約 230bp のプローブ DNA 断片を精製した。得られたプローブ DNA 溶液 5 μL に対し、[α -³²P]dCTP 1.75MBq および Megaprime DNA Labelling system, dCTP (Amersham Pharmacia Biotech 社製) を用いて放射線標識した。

ハイブリダイゼーションは以下のように行った。まず、上記のナイロン膜をローラーポトルへ封入し、ハイブリダイゼーション液 [5×SSPE, 50×Denhardt's 液, 0.5% (w/v) SDS, 100 μg/mL サケ精子 DNA] 15mL を加えて 65°C で 3 時間のプレハイブリダイゼーションを行った。次に、³²P 標識したプローブ DNA を熱変性してポトルへ投入し、65°C で一晩加温した。

ハイブリダイゼーション後、ナイロン膜を 2×SSC-0.1% (W/V) SDS 50mL に浸漬し、65°C で 15 分間加温した。上記の洗浄操作を 2 回繰り返した後、膜を 0.2×SSC-0.1% (W/V) SDS 50mL に浸漬し、65°C で 15 分間加温した。洗浄後、ナイロン膜を X 線フィルムへ -80°C で暴露し現像した。

前述の制限酵素 NheI 処理により、野生型 FUT8 対立遺伝子から約 8.0Kb の DNA 断片が生じる。また、同制限酵素処理により、ターゲティングベクターとの相同組換えが起こった対立遺伝子から約 9.5Kb の DNA 断片が生じた。さらに、相同組換えが起こった対立遺伝子からネオマイシン耐性遺伝子（約 1.6Kb）またはピューロマイシン耐性遺伝子（約 1.5Kb）が除去された場合には、同処理により約 8.0Kb の DNA 断片が生じた。

親株である CHO/DG44 細胞、本実施例の 2 項に記載の 50-10-104 株、本実施例の 3 項に記載の WK704 株、および WK704 株から本項(2)に記載の方法により取得した薬剤感受性クローニングの 1 つである 4-5-C3 株のゲノム DNA を、本法により解析した。CHO/DG44 細胞では、野生型 FUT8 対立遺伝子由来する約 8.0Kb の DNA 断片のみが検出された。また、50-10-104 株や WK704 株では、相同組換えが起こった対立遺伝子由来する約 9.5Kb の DNA 断片が認められた。一方、4-5-C3 株では、相同組換えが起こった対立遺伝子からさらにネオマイシン耐性遺伝子（約 1.6Kb）およびピューロマイシン耐性遺伝子（約 1.5Kb）が除去されて生じる約 8.0Kb の DNA 断片のみが検出された。この結果から 4-5-C3 株は、Cre リコンビナーゼにより薬剤耐性遺伝子が除去されたことが確認された。

薬剤耐性遺伝子の除去された FUT8 遺伝子ダブルノックアウトクローニング（以下、FUT8 遺伝子ダブルノックアウト細胞と表記する）は、4-5-C3 株以外にも複数株取得された。

実施例 2 FUT8 遺伝子をダブルノックアウトした CHO/DG44 細胞における抗体分子の発現

1. 抗 CD20 キメラ抗体発現ベクターの作製

(1) 抗 CD20 マウスモノクローナル抗体の VL をコードする cDNA の構築

W094/11026 に記載されている抗 CD20 マウスモノクローナル抗体 2B8 の VL のアミノ酸配列をコードする cDNA (配列番号 18) を PCR 法を用いて以下の様にして構築した。

まず、W094/11026 記載の VL の塩基配列の 5' 末端と 3' 末端に PCR 反応時の增幅用プライマーの結合塩基配列（ヒト化抗体発現用ベクターへクローニングするための制限酵素認識配列も含む）を付加した。設計した塩基配列を 5' 末端側から約 100 塩基ずつ計 6 本の塩基配列に分け（隣り合う塩基配列は、その末端に約 20 塩基の重複配列を有する様にする）、それらをセンス鎖、

アンチセンス鎖の交互の順で、実際には、配列番号 20、21、22、23、24、および 25 の 6 本の合成 DNA を作製(GENSET 社製へ委託)した。

各オリゴスクレオチドを最終濃度が $0.1 \mu\text{M}$ となる様に、 $50 \mu\text{L}$ の反応液[KOD DNA Polymerase 添付 PCR Buffer #1 (東洋紡績社製)、 0.2mM dNTPs、 1mM 塩化マグネシウム、 $0.5 \mu\text{M}$ M13 primer M4 (宝酒造社製)、 $0.5 \mu\text{M}$ M13 primer RV (宝酒造社製)]に添加し、DNA サーマルサイクラー GeneAmp PCR System 9600 (Perkin Elmer 社製) を用いて、 94°C にて 3 分間加熱した後、2.5 単位の KOD DNA Polymerase (東洋紡績社製) を添加し、 94°C にて 30 秒間、 55°C にて 30 秒間、 74°C にて 1 分間のサイクルを 25 サイクル行ない、更に 72°C にて 10 分間反応させた。該反応液 $25 \mu\text{L}$ をアガロースゲル電気泳動した後、QIAquick Gel Extraction Kit (QIAGEN 社製) を用いて、約 0.44kb の VL の PCR 産物を回収した。

次に、プラスミド pBluescriptII SK(-) (Stratagene 社製) を制限酵素 Sma I (宝酒造社製) して得られた DNA.0.1 μg と、上記で得られた PCR 産物約 $0.1 \mu\text{g}$ を滅菌水に加えて $7.5 \mu\text{L}$ として、TAKARA ligation kit ver.2 の solution I (宝酒造社製) $7.5 \mu\text{L}$ 、制限酵素 Sma I (宝酒造社製) $0.3 \mu\text{L}$ を加えて 22°C で 2 時間反応させた。この様にして得られた組換えプラスミド DNA 溶液を用いて大腸菌 DH5 α 株 (東洋紡績社製) を形質転換した。形質転換株のクローンより各プラスミド DNA を調製し、BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit v2.0 (Applied Biosystems 社製) を用いて添付の説明書に従って反応後、同社の DNA シーケンサ ABI PRISM 377 により塩基配列を解析した。こうして目的の塩基配列を有する図 2 に示したプラスミド pBS-2B8Lを得た。

20 (2) 抗 CD20 マウスモノクローナル抗体の VH をコードする cDNA の構築

W094/11026 に記載されている抗 CD20 マウスモノクローナル抗体 2B8 の VH のアミノ酸配列をコードする cDNA (配列番号 19) を PCR 法を用いて以下の様にして構築した。

まず、W094/11026 記載の VH の塩基配列の 5' 末端と 3' 末端に PCR 反応時の増幅用プライマーの結合塩基配列 (ヒト化抗体発現用ベクターへクローニングするための制限酵素認識配列も含む) を附加した。設計した塩基配列を 5' 末端側から約 100 塩基ずつ計 6 本の塩基配列に分け (隣り合う塩基配列は、その末端に約 20 塩基の重複配列を有する様にする)、それらをセンス鎖、アンチセンス鎖の交互の順で、実際には、配列番号 26、27、28、29、30、および 31 の 6 本の合成 DNA を作製(GENSET 社製へ委託)した。

各オリゴスクレオチドを最終濃度が $0.1 \mu\text{M}$ となる様に、 $50 \mu\text{L}$ の反応液[KOD DNA Polymerase 添付 PCR Buffer #1 (東洋紡績社製)、 0.2mM dNTPs、 1mM 塩化マグネシウム、 $0.5 \mu\text{M}$ M13 primer M4 (宝酒造社製)、 $0.5 \mu\text{M}$ M13 primer RV (宝酒造社製)]に添加し、DNA サーマルサイクラー GeneAmp PCR System 9600 (Perkin Elmer 社製) を用いて、 94°C にて 3 分間加熱した後、2.5 単位の KOD DNA Polymerase (東洋紡績社製) を添加し、 94°C にて 30 秒間、 55°C にて 30 秒間、 74°C にて 1 分間のサイクルを 25 サイクル行ない、更に 72°C にて 10 分間反応させた。該反応液 $25 \mu\text{L}$ をアガロースゲル電気泳動した後、QIAquick Gel Extraction Kit (QIAGEN 社製) を用いて、約 0.49 kb の VH の PCR 産物を回収した。

次に、プラスミド pBluescriptII SK(-) (Stratagene 社製) を制限酵素 Sma I (宝酒造社製) して得られた DNA.0.1 μg と、上記で得られた PCR 産物約 $0.1 \mu\text{g}$ を滅菌水に加えて $7.5 \mu\text{L}$ とし、

TAKARA ligation kit ver.2 の solution I (宝酒造社製) 7.5 μ L、制限酵素 Sma I (宝酒造社製) 0.3 μ Lを加えて22°Cで一晩反応させた。

この様にして得られた組換えプラスミドDNA溶液を用いて大腸菌 DH5 α 株 (東洋紡績社製) を形質転換した。形質転換株のクローンより各プラスミドDNAを調製し、BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit v2.0 (Applied Biosystems 社製) を用いて添付の説明書に従って反応後、同社のDNAシーケンサ ABI PRISM 377により塩基配列を解析した。こうして目的の塩基配列を有する図3に示したプラスミド pBS-2B8Hを得た。

次に、14番目のアミノ酸残基をAlaからProへ置換するために、配列番号32で示した合成DNAを設計し、LA PCR *in vitro* Mutagenesis Primer Set for pBluescriptII (宝酒造社製) を用いたPCR法により、以下の様に塩基の置換を行った。上記のプラスミド pBS-2B8Hを1ng含む50 μ Lの反応液[LA PCR Buffer II(宝酒造社製)、2.5単位のTaKaRa LA Taq、0.4mM dNTPs、2.5mM 塩化マグネシウム、50nM T3 BcaBEST Sequencing primer(宝酒造社製)、50nM 上記の変異導入用プライマー(配列番号32、GENSET 社製)]を調製し、DNAサーマルサイクラーGeneAmp PCR System 9600 (Perkin Elmer 社製) を用いて、94°Cにて30秒間、55°Cにて2分間、72°Cにて1分30秒間のサイクルを25サイクル行なった。該反応液30 μ Lをアガロースゲル電気泳動した後、QIAquick Gel Extraction Kit (QIAGEN 社製) を用いて、約0.44kbのPCR産物を回収し、30 μ Lの水溶液とした。また、同様に、上記のプラスミド pBS-2B8Hを1ng含む50 μ Lの反応液[LA PCR Buffer II(宝酒造社製)、2.5単位のTaKaRa LA Taq、0.4mM dNTPs、2.5mM 塩化マグネシウム、50nM T7 BcaBEST Sequencing primer(宝酒造社製)、50nM MUT B1 primer(宝酒造社製)]のPCR反応を行った。該反応液30 μ Lをアガロースゲル電気泳動した後、QIAquick Gel Extraction Kit (QIAGEN 社製) を用いて、約0.63kbのPCR産物を回収し、30 μ Lの水溶液とした。統いて、上記で得られた0.44kbのPCR産物と0.63kbのPCR産物を0.5 μ Lずつ47.5 μ Lの反応液[LA PCR Buffer II(宝酒造社製)、0.4mM dNTPs、2.5mM 塩化マグネシウム]に添加し、DNAサーマルサイクラーGeneAmp PCR System 9600 (Perkin Elmer 社製) を用いて、90°Cにて10分間加熱した後、60分間かけて37°Cまで冷却した後、37°Cで15分間保持することによってDNAをアニーリングさせた。2.5単位のTaKaRa LA Taq(宝酒造社製)を添加して72°Cにて3分間反応させた後、10pmolずつのT3 BcaBEST Sequencing primer(宝酒造社製)とT7 BcaBEST Sequencing primer(宝酒造社製)を添加して反応液を50 μ Lとし、94°Cにて30秒間、55°Cにて2分間、72°Cにて1分30秒間のサイクルを10サイクル行なった。該反応液25 μ LをQIAquick PCR purification kit (QIAGEN 社製) にて精製した後、半量を10単位の制限酵素 KpnI (宝酒造社製)と10単位の制限酵素 SacI (宝酒造社製)を用いて37°Cで1時間反応させた。該反応液をアガロースゲル電気泳動にて分画し、約0.59kbのKpnI-SacI断片を回収した。

次に、pBluescriptII SK(-) (Stratagene 社製) 1 μ gを10単位の制限酵素 KpnI (宝酒造社製)と10単位のSacI (宝酒造社製)を用いて37°Cで1時間反応させた後、該反応液をアガロースゲル電気泳動にて分画し、約2.9kbのKpnI-SacI断片を回収した。

上記で得られたPCR産物由来のKpnI-SacI断片とプラスミド pBluescriptII SK(-)由来のKpnI-SacI断片をDNA Ligation Kit Ver.2 (宝酒造社製)のSolution Iを用いて添付の説明書に従って連結した。この様にして得られた組換えプラスミドDNA溶液を用いて大腸菌 DH5 α 株

(東洋紡績社製)を形質転換し、形質転換株のクローンより各プラスミドDNAを調製し、BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit v2.0 (Applied Biosystems社製)を用いて添付の説明書に従って反応後、同社のDNAシーケンサ ABI PRISM 377により塩基配列を解析した。

5 こうして目的の塩基配列を有する図3に示したプラスミドpBS-2B8Hmを得た。

(3) 抗CD20ヒト型キメラ抗体発現ベクターの構築

ヒト化抗体発現用ベクターpKANTEX93 (Mol. Immunol., 37, 1035, 2000)と本項(1)および(2)で得られたプラスミドpBS-2B8LおよびpBS-2B8Hmを用いて抗CD20ヒト型キメラ抗体(以下、抗CD20キメラ抗体と表記する)の発現ベクターpKANTEX2B8Pを以下の様にして構築した。

10 本項(1)で得られたプラスミドpBS-2B8Lの2 μ gを10単位の制限酵素BsiWI (New England Biolabs社製)を用いて55℃で1時間反応させた後、更に10単位の制限酵素EcoRI (宝酒造社製)を用いて37℃で1時間反応させた。該反応液をアガロースゲル電気泳動にて分画し、約0.41kbのBsiWI-EcoRI断片を回収した。

次に、ヒト化抗体発現用ベクターpKANTEX93の2 μ gを10単位の制限酵素BsiWI (New England Biolabs社製)を用いて55℃で1時間反応させた後、更に10単位の制限酵素EcoRI (宝酒造社製)を用いて37℃で1時間反応させた。該反応液をアガロースゲル電気泳動にて分画し、約12.75kbのBsiWI-EcoRI断片を回収した。

次に、上記で得られたプラスミドpBS-2B8L由来BsiWI-EcoRI断片とプラスミドpKANTEX93由来のBsiWI-EcoRI断片をDNA Ligation Kit Ver.2 (宝酒造社製)のSolution Iを用いて添付の説明書に従って連結した。この様にして得られた組換えプラスミドDNA溶液を用いて大腸菌DH5 α 株(東洋紡績社製)を形質転換し、図4に示したプラスミドpKANTEX2B8-Lを得た。

次に、本項(2)で得られたプラスミドpBS-2B8Hmの2 μ gを10単位の制限酵素ApaI (宝酒造社製)を用いて37℃で1時間反応させた後、更に10単位の制限酵素NotI (宝酒造社製)を用いて37℃で1時間反応させた。該反応液をアガロースゲル電気泳動にて分画し、約0.45kbのApaI-NotI断片を回収した。

次に、上記で得られたプラスミドpKANTEX2B8-Lの3 μ gを10単位の制限酵素ApaI (宝酒造社製)を用いて37℃で1時間反応させた後、更に10単位の制限酵素NotI (宝酒造社製)を用いて37℃で1時間反応させた。該反応液をアガロースゲル電気泳動にて分画し、約13.16kbのApaI-NotI断片を回収した。

30 次に、上記で得られたプラスミドpBS-2B8Hm由来のApaI-NotI断片とプラスミドpKANTEX2B8-L由来のApaI-NotI断片をDNA Ligation Kit Ver.2 (宝酒造社製)のSolution Iを用いて、添付の説明書に従って連結した。この様にして得られた組換えプラスミドDNA溶液を用いて大腸菌DH5 α 株(東洋紡績社製)を形質転換し、形質転換株のクローンより各プラスミドDNAを調製した。

35 得られたプラスミドを用い、BigDye Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction Kit v2.0 (Applied Biosystems社製)を同社のDNAシーケンサー377を用いて塩基配列の解析を行った結果、目的のDNAがクローニングされている図4に示したプラスミドpKANTEX2B8Pが得られたことを確認した。

2. 抗 CD20 キメラ抗体の発現

実施例 1 第 5 項の(2)で作製した FUT8 遺伝子ダブルノックアウトクローン WK704 に対し、本実施例第 1 項で得た抗 CD20 抗体発現ベクター pKANTEX2B8P を導入した。

プラスミド pKANTEX2B8P の WK704 への遺伝子導入はエレクトロポレーション法 [サイトテクノロジー (Cytotechnology), 3, 133 (1990)] に準じて以下の手順で行った。まず、プラスミド pKANTEX2B8P $10\mu\text{g}$ を NEBuffer 4 (New England Biolabs 社製) $100\mu\text{l}$ に溶解し、40 単位の制限酵素 AatII (New England Biolabs 社製) を加えて 37°C で 2 時間消化反応を行うことにより線状化した。該反応液に対しフェノール/クロロホルム抽出処理およびエタノール沈殿を行い、回収した線状化プラスミドを $1\mu\text{g}/\mu\text{l}$ 水溶液とした。一方、WK704 を K-PBS 緩衝液 [137mmol/l KCl 、 2.7mmol/l NaCl 、 8.1mmol/l Na_2HPO_4 、 1.5mmol/l KH_2PO_4 、 4.0mmol/l MgCl_2] に懸濁して 8×10^7 個/ ml とした。細胞懸濁液 $200\mu\text{l}$ (1.6×10^8 個) を上記線状化プラスミド $4\mu\text{l}$ ($4\mu\text{g}$) と混和した後、細胞-DNA 混和液の全量を Gene Pulser Cuvette (電極間距離 2mm) (BIO-RAD 社製) へ移し、細胞融合装置 Gene Pulser (BIO-RAD 社製) を用いてパルス電圧 350V 、電気容量 $250\mu\text{F}$ の条件で遺伝子導入を行った。遺伝子導入後、細胞懸濁液を 10% ウシ胎児血清 (Invitrogen 社製) および 1 倍濃度の HT supplement (Invitrogen 社製) を添加した IMDM 培地 (Invitrogen 社製) に懸濁し、接着細胞培養用 T75 フラスコ (Greiner 社製) へ播種した。5% CO_2 、 37°C の条件下で 24 時間培養した後、培養上清を除去し、10% ウシ胎児透析血清 (Invitrogen 社製) を添加した IMDM 培地 (Invitrogen 社製) 10ml を注入した。この培地交換作業を 3~4 日毎に繰り返しながら 15 日間の培養を行い、形質転換株 WK704-2B8P を取得した。なお、WK704-2B8P 株は WK704-2B8P の株名で、平成 15 年 3 月 20 日付で独立行政法人産業技術総合研究所 特許生物寄託センター（日本国 茨城県つくば市東 1 丁目 1 番地 1 中央第 6）に FERM BP-8337 として寄託されている。

3. 抗ガングリオシド GD3 キメラ抗体の発現

実施例 1 第 5 項の(2)で作製した FUT8 遺伝子ダブルノックアウトクローン WK704 に対し、抗ガングリオシド GD3 キメラ抗体発現ベクタープラスミド pKANTEX641 を導入し、抗 GD3 キメラ抗体の安定的発現株を作製した。pKANTEX641 は、W000/61739 記載の抗 GD3 キメラ抗体発現ベクタープラスミド pChi641LHGM4 およびヒト化抗体発現ベクター pKANTEX93 [モレキュラー・イムノロジー (Mol. Immunol.), 37, 1035 (2000)] より構成された誘導体であり、pChi641LHGM4 より得たタンデム型抗体発現ユニットを含む EcoRI-HindIII 断片を pKANTEX93 より得た複製起點を含む EcoRI-HindIII 断片へ連結したものである。

プラスミド pKANTEX641 の WK704 への遺伝子導入はエレクトロポレーション法 [サイトテクノロジー (Cytotechnology), 3, 133 (1990)] に準じて以下の手順で行った。まず、プラスミド pKANTEX641 $10\mu\text{g}$ を NEBuffer 4 (New England Biolabs 社製) $100\mu\text{l}$ に溶解し、40 単位の制限酵素 AatII (New England Biolabs 社製) を加えて 37°C で 2 時間消化反応を行うことにより線状化した。該反応液に対しフェノール/クロロホルム抽出処理およびエタノール沈殿を行い、回収した線状化プラスミドを $1\mu\text{g}/\mu\text{l}$ 水溶液とした。一方、WK704 を K-PBS 緩衝液 [137mmol/l KCl 、 2.7mmol/l NaCl 、 8.1mmol/l Na_2HPO_4 、 1.5mmol/l KH_2PO_4 、 4.0mmol/l MgCl_2] に懸濁して 8×10^7 個/ ml とした。細胞懸濁液 $200\mu\text{l}$ (1.6×10^8 個) を上記線状化プラスミド $4\mu\text{l}$ ($4\mu\text{g}$) と混和

した後、細胞-DNA 混和液の全量を Gene Pulser Cuvette(電極間距離 2mm) (BIO-RAD 社製) へ移し、細胞融合装置 Gene Pulser(BIO-RAD 社製) を用いてパルス電圧 350V、電気容量 250 μF の条件で遺伝子導入を行った。遺伝子導入後、細胞懸濁液を 10% ウシ胎児血清 (Invitrogen 社製) および 1 倍濃度の HT supplement (Invitrogen 社製) を添加した IMDM 培地 (Invitrogen 社製) に懸濁し、接着細胞培養用 T75 フラスコ (Greiner 社製) へ播種した。5% CO₂、37°C の条件下で 24 時間培養した後、培養上清を除去し、10% ウシ胎児透析血清 (Invitrogen 社製) を添加した IMDM 培地 (Invitrogen 社製) 10ml を注入した。この培地交換作業を 3~4 日毎に繰り返しながら 15 日間の培養を行い、形質転換株 WK704-2871 を取得した。なお、WK704-2871 株は WK704-2871 の株名で、平成 15 年 3 月 20 日付けで独立行政法人産業技術総合研究所 特許生物寄託センター（日本国 茨城県つくば市東 1 丁目 1 番地 1 中央第 6）に FERM BP-8336 として寄託されている。

4. 抗 CCR4 キメラ抗体の発現

実施例 1 第 5 項の (2) で作製した FUT8 遺伝子ダブルノックアウトクローン WK704 に対し、W001/64754 記載の抗 CCR4 キメラ抗体発現ベクター pKANTEX2160 を導入し、抗 CCR4 キメラ抗体の安定的発現株を作製した。

プラスミド pKANTEX2B8P の WK704 への遺伝子導入はエレクトロポレーション法 [サイテクノロジー (Cytotechnology), 3, 133 (1990)] に準じて以下の手順で行った。まず、プラスミド pKANTEX2160 15 μg を NEBuffer 4 (New England Biolabs 社製) 100 μl に溶解し、40 単位の制限酵素 AatII (New England Biolabs 社製) を加えて 37°C で 2 時間消化反応を行うことにより線状化した。該反応液に対しフェノール/クロロホルム抽出処理およびエタノール沈殿を行い、回収した線状化プラスミドを 1 μg/μl 水溶液とした。一方、WK704 を K-PBS 緩衝液 [137 mmol/l KCl、2.7 mmol/l NaCl、8.1 mmol/l Na₂HPO₄、1.5 mmol/l KH₂PO₄、4.0 mmol/l MgCl₂] に懸濁して 8 × 10⁷ 個/ml とした。細胞懸濁液 200 μl (1.6 × 10⁸ 個) を上記線状化プラスミド 4 μl (4 μg) と混和した後、細胞-DNA 混和液の全量を Gene Pulser Cuvette(電極間距離 2mm) (BIO-RAD 社製) へ移し、細胞融合装置 Gene Pulser(BIO-RAD 社製) を用いてパルス電圧 350V、電気容量 250 μF の条件で遺伝子導入を行った。遺伝子導入後、細胞懸濁液を 10% ウシ胎児血清 (Invitrogen 社製) および 1 倍濃度の HT supplement (Invitrogen 社製) を添加した IMDM 培地 (Invitrogen 社製) に懸濁し、接着細胞培養用 T75 フラスコ (Greiner 社製) へ播種した。5% CO₂、37°C の条件下で 24 時間培養した後、培養上清を除去し、10% ウシ胎児透析血清 (Invitrogen 社製) を添加した IMDM 培地 (Invitrogen 社製) 10ml を注入した。この培地交換作業を 3~4 日毎に繰り返しながら 15 日間の培養を行い、形質転換株 WK704-2760 を取得した。なお、WK704-2760 株は WK704-2760 の株名で、平成 15 年 3 月 20 日付けで独立行政法人産業技術総合研究所 特許生物寄託センター（日本国 茨城県つくば市東 1 丁目 1 番地 1 中央第 6）に FERM BP-8335 として寄託されている。

5. 培養上清中のヒト IgG 抗体濃度の測定 (ELISA 法)

ヤギ抗ヒト IgG (H&L) 抗体 (American Qualex 社製) を Phosphate Buffered Saline (以下、PBS と表記する) (インビトロジェン社製) で希釈して 1 μg/mL とし、96 穴の ELISA 用プレート (グライナー社製) に、50 μL/ウェルで分注し、4°C で一晩放置して吸着させた。PBS で洗浄後、BSA

を 1% の濃度で含む PBS (以下、1% BSA-PBS と表記する) (和光純薬社製) を 100 μ L/ウェルで加え、室温で 1 時間反応させて残存する活性基をブロックした。1% BSA-PBS を捨て、形質転換株の培養上清、または培養上清から精製した抗体の各種希釈溶液を 50 μ L/ウェルで加え、室温で 1 時間反応させた。反応後、Tween20 を 0.05% の濃度で含む PBS (以下、Tween-PBS と表記する) (和光純薬社製) で各ウェルを洗浄後、1% BSA-PBS で 2000 倍に希釈したペルオキシダーゼ標識ヤギ抗ヒト IgG(H&L) 抗体溶液 (American Qualex 社製) を二次抗体溶液として、それぞれ 50 μ L/ウェルで加え、室温で 1 時間反応させた。反応後、Tween-PBS で洗浄後、ABTS 基質液 [2,2'-アジノーピス(3-エチルベンゾチアゾリン-6-スルホン酸)アンモニウム (和光純薬社製) の 0.55g を 1L の 0.1M クエン酸緩衝液 (pH4.2) に溶解し、使用直前に過酸化水素 (和光純薬社製) を 1 μ L/mL で添加した溶液] を 50 μ L/ウェルで加えて発色させ、415nm の吸光度 (以下、OD415 と表記する) を測定した。

6. 抗体分子の精製

本実施例第 2 項で得た抗 CD20 抗体発現株 WK704-2B8P を、10% ウシ胎児透析血清 (Invitrogen 社製) を添加した IMDM 培地 (Invitrogen 社製) $\times 3 \times 10^6$ 個/ml の密度で懸濁後、接着細胞培養用 T182 フラスコ (Greiner 社製) 10 本へ計 300ml 播種した。同様にして、本実施例第 3 項で得た抗 GD3 抗体発現株 WK704-2871' よりび本実施例第 4 項で得た抗 CCR4 抗体発現株 WK704-2760 を播種した。3 日間の培養後、各株の上清全量を除去し、EXCELL301 培地 (JRH Biosciences 社製) へ交換した。これらを 37°C の 5% CO₂ インキュベーター内で 7 日間培養後、各細胞懸濁液を回収した。回収した各細胞懸濁液に対し 3000rpm、4°C の条件で 10 分間の遠心分離を行って上清を回収した後、0.22 μ m 孔径 500ml 容 PES Membrane (旭テクノグラス社製) を用いて濾過した。

0.8cm 径のカラムに Mab Select (Amersham Pharmacia Biotech 社製) 0.5ml を充填し、精製水 3.0ml および 0.2mol/l ホウ酸-0.15mol/l NaCl 緩衝液 (pH7.5) 3.0ml を順次通した。さらに、0.1mol/l クエン酸緩衝液 (pH3.5) 2.0ml および 0.2mol/l ホウ酸-0.15mol/l NaCl 緩衝液 (pH7.5) 1.5ml で順次洗浄することによって担体の平衡化を行った。次に、上記培養上清 300ml をカラムに通した後、0.2mol/l ホウ酸-0.15mol/l NaCl 緩衝液 (pH7.5) 3.0ml で洗浄した。洗浄後、0.1mol/l クエン酸緩衝液 (pH3.5) 1.25ml を用いて担体に吸着した抗体の溶出を行った。初めに溶出する 250 μ l の画分を廃棄し、次に得られる溶出画分 1ml を回収して 2mol/l Tris-HCl (pH8.5) 200 μ l と混合して中和した。取得した溶出液に対し、10mol/l クエン酸-0.15mol/l NaCl 緩衝液 (pH6.0) を用いて 4°C で一夜透析を行った。透析後、抗体溶液を回収し、0.22 μ m 孔径 Millex GV (MILLIPORE 社製) を用いて滅菌濾過した。

実施例 3 FUT8 遺伝子をダブルノックアウトした CHO/DG44 細胞が產生する抗体組成物の in vitro 細胞障害活性 (ADCC 活性)

実施例 2 第 6 項で精製した抗 CD20 抗体の in vitro 細胞障害活性を評価するため、以下の記述に従い ADCC 活性を測定した。

(1) 標的細胞溶液の調製

RPMI1640-FCS(10) 培地(FCS を 10% 含む RPMI1640 培地(GIBCO BRL 社製))で培養したヒト B リンパ球培養細胞株 Raji 細胞(JCRB9012)を遠心分離操作および懸濁により RPMI1640-FCS(5) 培地(FCS を 5% 含む RPMI1640 培地(GIBCO BRL 社製))で洗浄した後、RPMI1640-FCS(5) 培地によって、 2×10^6 細胞/mL に調製し、標的細胞溶液とした。

5 (2) エフェクター細胞溶液の調製

健常人静脈血 50mL を採取し、ヘパリンナトリウム(清水製薬社製)0.5mL を加え穂やかに混ぜた。これを Lymphoprep (AXIS SHIELD 社製) を用いて使用説明書に従い、遠心分離(800g、20 分間)して単核球層を分離した。RPMI1640-FCS(5) 培地で 3 回遠心分離して洗浄後、同培地を用いて 4×10^6 細胞/mL の濃度で再懸濁し、エフェクター細胞溶液とした。

10 (3) ADCC 活性の測定

96 ウエル U 字底プレート(Falcon 社製)の各ウェルに上記(1)で調製した標的細胞溶液の $50 \mu\text{L}$ (1×10^4 細胞/ウェル) を分注した。次いで上記(2)で調製したエフェクター細胞溶液を $50 \mu\text{L}$ (2×10^6 細胞/ウェル、エフェクター細胞と標的細胞の比は 20:1 となる) 添加した。更に、各種抗 CD20 キメラ抗体を各最終濃度 0.3~3000ng/mL となるように加えて全量を $150 \mu\text{L}$ とし、15 37°C で 4 時間反応させた。反応後、プレートを遠心分離し、上清中の乳酸デヒドロゲナーゼ(LDH)活性を、CytoTox96 Non-Radioactive Cytotoxicity Assay(Promega 社製)を用いて測定した。標的細胞自然遊離 LDH 量は、エフェクター細胞溶液、抗体溶液の代わりに培地のみを用いて上記と同様の操作を行い、上清の LDH 活性を測定することにより求めた。エフェクター細胞自然遊離の吸光度データは、標的細胞溶液、抗体溶液の代わりに培地のみを用いて、上記と同様の操作を行うことで取得した。全標的細胞破壊にともなう全遊離 LDH 量は、抗体溶液、エフェクター細胞溶液の代わりに培地を用い、反応終了 45 分前に $15 \mu\text{L}$ の 9% Triton X-100 溶液を添加し、上記と同様の操作を行い、上清の LDH 活性を測定することにより求めた。これらの値を用いて下式(II)により、ADCC 活性を求めた。

$$\text{ADCC 活性}(\%) = \frac{(\text{検体上清中の LDH 量}) - (\text{自然遊離 LDH 量})}{(\text{全遊離 LDH 量}) - (\text{自然遊離 LDH 量})} \times 100 \quad (\text{II})$$

25 図 5 に各抗 CD20 抗体の ADCC 活性を示した。FUT8 遺伝子ダブルノックアウトクローン WK704-2B8P より得た抗体は、いずれの抗体濃度においても市販 Rituxan™ より高い ADCC 活性を示し、最高細胞障害活性値も高かった。Rituxan™ は、FUT8 遺伝子が破壊されていない CHO 細胞を宿主細胞として製造された抗 CD20 キメラ抗体である。また、FUT8 遺伝子ダブルノックアウトクローン WK704-2871 株、WK704-2760 株より得たそれぞれの抗体に関して ADCC 活性を測定したところ、抗 CD20 抗体の場合と同様に、FUT8 遺伝子が破壊されてない通常の CHO 細胞株が產生する抗体に比べて高い細胞障害活性を示した。以上の結果より、FUT8 対立遺伝子を破壊した宿主細胞を用いることにより、FUT8 遺伝子が破壊されていない宿主細胞を用いた場合より、細胞障害活性の高い抗体の生産が可能となることが分かった。

FUT8 対立遺伝子をダブルノックアウトした CHO/DG44 細胞が産生する抗体組成物の単糖組成分析

実施例 2 第 6 項で取得した、FUT8 遺伝子ダブルノックアウトクローンが生産した抗 CD20 抗体、抗 GD3 抗体および抗 CCR4 抗体の中性糖・アミノ糖組成分析を、以下の様にして行った。

抗体を遠心濃縮機で減圧下乾固した後、2.0~4.0 mol/L のトリフルオロ酢酸溶液を加えて 100°C、2~4 時間酸加水分解を行い、タンパク質から中性糖・アミノ糖を遊離した。トリフルオロ酢酸溶液を遠心濃縮機で除去し、脱イオン水に再溶解して Dionex 社製糖分析装置 (DX-500) を用いて分析を行った。CarboPac PA-1 カラム、CarboPac PA-1 ガードカラム (Dionex 社製) を用い、溶離液として 10~20 mM 水酸化ナトリウム-脱イオン水溶解液、洗浄液として 500 mM 水酸化ナトリウム-脱イオン水溶解液を使用して、以下の溶出プログラムで分析した。

表 1

中性糖・アミノ糖組成分析の溶出プログラム

時間 (分)	0	35	35.1	45	45.1	58
溶離液 (%)	100	100	0	0	100	100
洗浄液 (%)	0	0	100	100	0	0

得られた中性糖・アミノ糖成分のピーク面積から、N-アセチルグルコサミン比を 4 とした場合の各成分 (フコース、ガラクトース、マンノース) の組成比を算出した。

各抗体の単糖組成比をもとに、全複合型糖鎖に占めるフコースを持たない複合型糖鎖の割合を計算した結果、FUT8 遺伝子ダブルノックアウトクローンが生産した抗 CD20 抗体、抗 GD3 抗体および抗 CCR4 抗体の複合型糖鎖には、フコースが結合していないことが示された。

実施例 5 FUT8 遺伝子をダブルノックアウトした CHO/DG44 細胞の無蛋白培地への馴化

実施例 1 で作製した FUT8 ダブルノックアウト CHO/DG44 細胞である 4-5-C3 株の無蛋白培地への馴化を行った。

IMDM 培地 (インビトロジェン社製) に 1% (v/v) HT サブルメント (インビトロジェン社製) 及び 10% (v/v) 牛胎児血清 (dFBS; インビトロジェン社製) を含有してなる血清添加培地 (以下、「基本血清培地」という) を作製した。該培地を用い 4-5-C3 株を $2 \sim 4 \times 10^5$ 細胞/mL の細胞密度で T 型フラスコに接種し、継代期間を 2~4 日間として、37°C で 5% CO₂ 濃度で静置培養を行った。継代時には、遠心分離により培養液から新鮮培地への全量交換を実施した。

上記継代培養で得られた細胞を用い、EX-CELL325PF (JRH-社製) に 1% (v/v) HT サブルメント (インビトロジェン社製) 及び 6 mM グルタミン (インビトロジェン社製) を含有してなる無蛋白培地 (以下、「基本無蛋白培地」という) により 6 継代 29 日間の静置継代培養を行った。培養は、血清培養時と同様、T 型フラスコを用い 37°C で 5% CO₂ 濃度の条件で行った。引き続き基

本無蛋白培地にて、三角フラスコを用いた浮遊旋回培養を 6 繼代 20 日間行った。培養温度は 35°C、旋回速度は 90~100rpm とし、継代の際には、培養容器の 4 倍量以上の 5% 濃度 CO₂ を培地上面に通気し、三角フラスコ中の空気を置換して継代した。

上述の基本無蛋白培地を用いた継代培養により、培養初期には細胞凝集し増殖しなかった細胞を、最終的には基本無蛋白培地で継代可能な馴化細胞に変換することができた。
5

次に、取得した無蛋白培地に馴化させた 4-5-C3 株を、限界希釈法により、以下のようにクローニングした。

基本無蛋白培地を用いて取得した馴化細胞を希釈し、96 ウエルプレートに 0.5 細胞／ウエルで、1 ウエルあたり 0.05mL ずつ接種した。続いて、滅菌フィルターを用いて滅菌処理を施した
10 馴化細胞株の培養上清（コンディションメディウム）を 1 ウエルあたり 0.05mL ずつ加えた。合計 768 ウエルに播種し 1~2 週間培養した結果、単一のコロニー増殖を確認した 49 クローンを得た。取得した 49 クローンを 24 ウエルプレート、6 ウエルプレートへと拡大培養し、取得した個々のクローン増殖性を考慮し、増殖性の良い 17 クローンを選択した。選択された 17 クローンを混合し、無蛋白培地馴化細胞とした。

15 得られた無蛋白培地馴化細胞を無蛋白培地で継代した際の、生細胞密度、生存率の推移を示した。結果を図 6 に示す。

図 6 に示される通り、上記方法で得られた無蛋白培地馴化細胞は、低い細胞密度で培地に培養した後、2~3 日間で 3 倍の細胞量に増殖している。このことは、親株である無蛋白培地馴化前の細胞株とは異なり、基本無蛋白培地を用いて培養しても安定して継代培養を行う
20 ことができるよう変換されていることを示している。

実施例 6 無蛋白培地に馴化した、FUT8 遺伝子ダブルノックアウト CHO/DG44 細胞の無血清フェドバッチ培養

実施例 5 で取得した無蛋白培地馴化細胞を用いて、フェドバッチ培養を行った。

25 基本無蛋白培地を用いて 2×10^5 細胞/mL の細胞密度に無蛋白培地馴化細胞を調製した。125mL の三角フラスコに調製した無蛋白培地馴化細胞を 15mL 加え、培養温度 35°C、旋回速度 100rpm で 3 日間培養した。なお、細胞播種の際には、500mL 以上の 5% 濃度 CO₂ を培地上面に通気し、三角フラスコ中の空気を置換した。3 日間の培養で得られた細胞を種細胞として、基本無蛋白培地を用いて 3×10^5 細胞/mL の細胞密度に調製後、125mL の三角フラスコに 30mL 播種し、培養
30 温度 35°C 旋回速度 100rpm でフェドバッチ培養を開始した。細胞を播種する際には、1L 以上の 5% 濃度 CO₂ を培地上面に通気することでフラスコ内の空気を置換した。フェドバッチ培養開始後、アミノ酸などの消費量を補う目的で培養 3 日目、6 日目に 3. 3 mL ずつ以下に示す組成のフィード培地を添加した。また、培養 3 日目に、グルコースの終濃度が 5000mg/L となるよう、20% (w/v) グルコース溶液を添加した。その結果を図 7 に示す。細胞は培養開始
35 から 3 日目後まで増殖し、3~6 日目まではその細胞密度がほぼ維持された。培養 6 日目の生細胞密度は 2×10^6 細胞/mL まで達した。培養開始から 6 日を過ぎると生存率が急速に低下し、9 日目には細胞生存率が 50% を切り、フェドバッチ培養を終了した。

なお、フェドバッチ培養に用いたフィード培地は、通常の培地にアミノ酸（L-アラニン0.177 g/L、L-アルギニン-塩酸0.593 g/L、L-アスパラギン-水和物0.177 g/L、L-アスパラギン酸0.212 g/L、L-シスチン二塩酸0.646 g/L、L-グルタミン酸0.530 g/L、L-グルタミン5.84 g/L、グリシン0.212 g/L、L-ヒスチジン-塩酸二水和物0.297 g/L、L-イソロイシン0.742 g/L、L-ロイシン0.742 g/L、L-リジン-塩酸1.031 g/L、L-メチオニン0.212 g/L、L-フェニルアラニン0.466 g/L、L-プロリン0.283 g/L、L-セリン0.297 g/L、L-スレオニン0.671 g/L、L-トリプトファン0.113 g/L、L-チロシン二ナトリウム二水和物0.735 g/L、L-バリン0.664 g/L）、ビタミン（d-ビオチン0.0918 mg/L、D-パントテン酸カルシウム0.0283 g/L、塩化コリン0.0283 g/L、葉酸0.0283 g/L、myo-イノシトール0.0509 g/L、ナイアシンアミド0.0283 g/L、ビリドキサール塩酸0.0283 g/L、リボフラビン0.00283 g/L、チアミン塩酸0.0283 g/L、シアノコバラミン0.0918 mg/L）、インシュリン0.314 g/Lを添加した培地であった。

15

実施例 7 無蛋白培地に馴化したFUT8遺伝子ダブルノックアウトCHO/DG44細胞による抗CD20ヒト型キメラ抗体の製造とその生物活性

実施例6記載の無蛋白培地に馴化したFUT8遺伝子ダブルノックアウト細胞を用いて、抗CD20ヒト型キメラ抗体の安定生産細胞を樹立し、抗CD20ヒト型キメラ抗体の生産性ならびに生産された抗体の生物活性を評価した。その際、無蛋白培地に馴化したFUT8遺伝子ダブルノックアウト細胞による高ADCC活性抗体製造の優位性を示す目的で、FUT8遺伝子ダブルノックアウト細胞の親株であるCHO/DG44細胞、Stanleyらによって樹立されたCHO細胞のGDP-マンノース-4,6-デヒドロターゼ変異株Lec13細胞(Somat. Cell Mol. Genet. 12, 51 (1986))、およびラット-ラットハイブリドーマYB2/0細胞(American Type Culture Collection CRL-1662)からも抗CD20ヒト型キメラ抗体生産株を樹立して比較を行った。Lec13およびYB2/0細胞では、フコースが結合していない糖鎖の割合が高い高ADCC活性抗体の発現が可能であることが報告されているため比較対照とした(J. Biol. Chem., 277, 30, 26733, (2002); WO02/31140)。

1. 抗CD20ヒト型キメラ抗体安定生産株の造成

実施例6記載の無蛋白培地に馴化したFUT8遺伝子ダブルノックアウト細胞、CHO/DG44細胞およびLec13細胞に、実施例2の2項に記載の方法に従って抗CD20ヒト型キメラ抗体発現ベクターpKANTEX2B8Pを導入し、96ウェルカルチャープレート(グライナー社製)に播種して5%CO₂インキュベーター内で37°C、1~2週間培養した。IMDM-dPBS(10)培地中で増殖が認められたウェルの形質転換株については、dhfr遺伝子増幅系を利用して抗体産生量を増加させる目的で、MTX(シグマ社製)を50nmol/L含むIMDM-dPBS(10)培地に交換してさらに1~2週間培養した。50nmol/LのMTXに耐性を示す形質転換株については、MTX濃度をさらに上昇させて培養を続けた。培養上清中の抗CD20ヒト型キメラ抗体の発現を実施例2の5項に記載のELISA法により測定し、最終的にMTXを200、500または1000nmol/Lの濃度で含むIMDM-dPBS(10)培地で増殖可能かつ、抗CD20ヒト型キメラ抗体を高生産する形質転換株を選抜した。YB2/0細胞について

は、W003/055993 に記載の方法に従って抗 CD20 ヒト型キメラ抗体を高生産する形質転換株を選抜した。

次に、このようにして得られた抗 CD20 ヒト型キメラ抗体を高生産する形質転換株を実施例 5 に記載の方法に準じて無血清培地に馴化した。無蛋白培地馴化 FUT8 遺伝子ダブルノックアウト

細胞、CHO/DG44 細胞および Lec13 細胞から樹立した各形質転換株の無血清培地への馴化には、MTX を 200、500 または 1000nmol/L、L-グルタミン（インビトロジエン社製）を 6mM の濃度で含む EX-CELL302 培地（JRH 社製）（以下、無血清培地と表記）を用いた。YB2/0 細胞から樹立した形質転換株の無血清培地への馴化には、CD-Hybridoma 培地（インビトロジエン社製）（以下、無血清培地と表記）を用いた。このようにして無蛋白培地馴化 FUT8 遺伝子ダブルノックアウト

細胞より樹立した形質転換株を Ms704/CD20 株、CHO/DG44 細胞より樹立した形質転換株を DG44/CD20 株、Lec13 細胞より樹立した形質転換株を Lec13/CD20 株、YB2/0 細胞より樹立した形質転換株を YB/CD20 株と名付けた。なお、Ms704/CD20 株は、平成 16 年 8 月 13 日付けで独立行政法人産業技術総合研究所 特許生物寄託センター（日本国 茨城県つくば市東 1 丁目 1 番地 1 中央第 6）に FERM BP-10092 として寄託されている。

15. 2. 三角フラスコ無血清フェドバッチ培養による抗CD20ヒト型キメラ抗体の製造

本実施例の 1 項で樹立した Ms704/CD20 株、DG44/CD20 株、Lec13/CD20 株および YB/CD20 株を用い、三角フラスコでの無血清フェドバッチ培養を行い、各株による抗 CD20 ヒト型キメラ抗体の製造を行った。

(1) 三角フラスコでの無血清フェドバッチ培養

20 フェドバッチ培養の基礎培地には、前項の無血清培地に 20% (w/v) グルコース溶液を終濃度 5000mg/L となるように追添加した培地を使用した（以下、無血清フェドバッチ培養培地と表記）。フィード培地には、各種のアミノ酸（L-アラニン 0.177g/L、L-アルギニン一塩酸 0.593g/L、L-アスパラギン一水和物 0.177g/L、L-アスパラギン酸 0.212g/L、L-シスチニン二塩酸 0.646g/L、L-グルタミン酸 0.530g/L、L-グルタミン 5.84g/L、グリシン 0.212g/L、L-ヒスチジン一塩酸二水和物 0.297g/L、L-イソロイシン 0.742g/L、L-ロイシン 0.742g/L、L-リジン一塩酸 1.031g/L、L-メチオニン 0.212g/L、L-フェニルアラニン 0.466g/L、L-プロリン 0.283g/L、L-セリン 0.297g/L、L-スレオニン 0.671g/L、L-トリプトファン 0.113g/L、L-チロシン二ナトリウム二水和物 0.735g/L、L-パリシン 0.664g/L）、各種のビタミン（d-ビオチン 0.0918mg/L、D-パンテン酸カルシウム 0.0283g/L、塩化コリン 0.0283g/L、葉酸 0.0283g/L、myo-イノシトール 0.0509g/L、ナイアシンアミド 0.0283g/L、ビリドキサール塩酸 0.0283g/L、リポフラビン 0.00283g/L、チアミン塩酸 0.0283g/L、シアノコバラミン 0.0918mg/L）、およびインシュリン 0.314g/L を含有する培地を用いた。

Ms704/CD20 株、DG44/CD20 株、Lec13/CD20 株および YB/CD20 株を、 3×10^5 細胞/mL の密度で無血清フェドバッチ培養培地に懸濁し、該細胞懸濁液 40mL を 250mL 三角フラスコ（コーニング社製）に播種した。培養容器の 4 倍量以上の 5% CO₂ ガスを通氣してフラスコ内の空気を置換した後に密栓し、回転数 90~100rpm で攪拌しながら 35°C にて培養を行った。培養開始後 3 日目、6 日目、9 日目、11 日目に、アミノ酸などの消費を補う目的で上記のフィード培地を 3.3mL 添加し、グルコース濃度を制御する目的で 20% (w/v) グルコース溶液を終濃度 5000mg/L となるように添加し

た。また培養開始後 0 日目、3 日目、6 日目、9 日目、11 日目、13 日目に培養液約 2mL を採取し、トリパンブルー染色法により生細胞密度と細胞生存率を、実施例 3 の 2 項に記載の ELISA 法により各培養上清中に含まれる抗 CD20 ヒト型キメラ抗体濃度をそれぞれ測定した。

フェドバッチ培養は、それぞれの細胞株の細胞生存率が 60% 以下となった時点で終了した。

5 培養開始後の各時点における Ms704/CD20 株の生細胞密度、細胞生存率は DG44/CD20 株と同等以上であった。一方、Lec13/CD20 株は、増殖性が遅く最高細胞到達密度も低かった。また、YB/CD20 株は最高細胞到達密度に達した後急激に細胞生存率が低下し長期のフェドバッチ培養は困難であった。また、抗体生産量については、いずれの株においても累積生細胞密度に比例して抗体蓄積量が増加し、培養終了時に最高生産量に達した。従って、FUT8 遺伝子を破壊した細胞株においても、親株に比べて細胞増殖性や培養ストレスによる生存能力に差は見られず、他のフコースが結合していない糖鎖の割合が高い高 ADCC 活性抗体の発現が可能な株に比べて良い培養挙動を示すことが明らかとなった。

10 (2) 無血清フェドバッチ培養において製造された抗体組成物の生物活性の解析

15 上記(1)の無血清フェドバッチ培養で、Ms704/CD20 株、DG44/CD20 株、Lec13/CD20 株および YB/CD20 株から経日的に採取した培養液を用い、それぞれの培養液中に含まれる抗 CD20 ヒト型キメラ抗体組成物のフコースが結合していない糖鎖の割合を解析した。フコースが結合していない糖鎖の割合は、Biotechnology and Bioengineering, 87, 618, (2004) に記載の公知の方法に基づき、可溶性ヒト Fc γ RIIIa (以下、shFc γ RIIIa と表記) に対する結合活性を指標にした ELISA 法により測定した。フコースが結合していない糖鎖の割合が既知の標準抗体としては、W003/085119 の実施例 4 の 5 項に記載の KM2760-1 (フコースが結合していない糖鎖の割合: 90%)、および KM3060 (フコースが結合していない糖鎖の割合: 10%) を用いた。上記(1)で各株から採取した培養液および標準抗体は 1% BSA-PBS で希釈し、5 μg/mL の抗体溶液に調製し評価サンプルとした。

20 測定の結果、DG44/CD20 株のサンプルは、いずれも shFc γ RIIIa に対する結合活性がほとんど認められず、フコースが結合した糖鎖構造を有する抗体組成物を含むことが判明した。Lec13/CD20 株と YB/CD20 株のサンプルは、培養初期にはフコースが結合していない糖鎖の割合が高い抗体組成物を含むが、培養期間が長くなるにつれてフコースが結合した糖鎖構造を有する抗体組成物の割合が高くなることが判明した。Lec13/CD20 株のフェドバッチ培養終了時のサンプルに含まれる抗 CD20 ヒト型キメラ抗体のフコースが結合していない糖鎖の割合は、60% 以下であった。一方、Ms704/CD20 株のサンプルは、培養期間を通じて安定して shFc γ RIIIa への強い結合活性を示した。Ms704/CD20 株のサンプルに含まれる抗 CD20 ヒト型キメラ抗体のフコースが結合していない糖鎖の割合を、標準抗体での ELISA の吸光度をもとに算出したところ、培養期間を通じて 100% に保たれていると見積もられた。

25 以上の結果から、無血清培地に馴化した FUT8 遺伝子ダブルノックアウト細胞は、三角フラスコを用いた無血清フェドバッチ培養において、N-グリコシド結合複合型糖鎖の還元末端の N-アセチルグルコサミンにフコースが結合していない糖鎖を持つ抗体組成物を安定に生産できることが判明した。

3. 浮遊攪拌リアクター無血清フェドバッチ培養によるフコースが結合していない糖鎖を有する抗CD20ヒト型キメラ抗体の製造

本実例の2項で無血清培地に馴化したMs704/CD20株が、抗体医薬の商業的な生産に用いられる浮遊攪拌リアクター無血清フェドバッチ培養においても、フコースが結合していない糖鎖を有する抗体の安定製造が可能か否かを検討した。

5 (1) シード細胞の拡大培養

リアクター培養に至るまでの拡大培養を行う培地として、MTXを500nM、L-グルタミンを1.75g/Lの濃度で含むEX-CELL302培地（以下、拡大培養用培地と表記）を用いた。125mL、250mLまたは1000mL容量の三角フラスコ（コーニング社製）に約10～30%量の拡大培養用培地を入れ、
10 3×10^5 細胞/mLとなるように細胞懸濁液を播種し、37℃で4日間培養した。リアクター培養の播種に必要な細胞数が得られるまで複数回継代を繰り返した。

(2) リアクター培養

リアクター培養の基本培地として、(1) の拡大培養用培地にMTXを500nM、L-グルタミンを1.75g/Lとなるように追添加した培地（以下、リアクター培養用培地と表記）を用いた。

15 上記の拡大培養により必要な細胞数を獲得したところで、リアクター培養用培地700mLを満たした1Lバイオリアクター（ABLE社製）に 3×10^5 細胞/mLとなるように細胞を播種し、35℃、pH 7.1、D0 50%の条件下で17日間培養した。フィード培地には、アミノ酸（L-アラニン0.14g/L、L-アルギニン-塩酸0.47g/L、L-アスパラギン-水和物0.16g/L、L-アスパラギン酸0.17g/L、L-シスチニン-塩酸0.51g/L、L-グルタミン酸0.42g/L、L-グルタミン7.3g/L、グリシン0.17g/L、L-ヒスチジン-塩酸二水和物0.24g/L、L-イソロイシン0.59g/L、L-ロイシン0.59g/L、L-リジン-塩酸0.82g/L、L-メチオニン0.17g/L、L-フェニルアラニン0.37g/L、L-プロリン0.22g/L、L-セリン0.24g/L、L-スレオニン0.53g/L、L-トリプトファン0.09g/L、L-チロシン二ナトリウム二水和物0.58g/L、L-バリン0.53g/L）、ビタミン（d-ビオチン0.073mg/L、D-パンテン酸カルシウム0.022g/L、塩化コリン0.022g/L、葉酸0.022g/L、myo-イノシトール0.040g/L、ナイアシンアミド0.022g/L、ピリドキサール塩酸0.022g/L、リボフラビン0.0022g/L、チアミン塩酸0.022g/L、シアノコバラミン0.073mg/L）、リコンビナントヒトイントスリン0.31g/L（JRH社製）、エタノールアミン0.025g/L（シグマ-アルドリッヂ社製）、2-メルカプトエタノール0.0098g/L（シグマ-アルドリッヂ社製）、大豆加水分解物HY-SOY 8g/L（クウェストインターナショナル社製）、亜セレン酸ナトリウム16.8マイクロg/L（シグマ-アルドリッヂ社製）、コレステロール脂質濃縮溶液2mL/L（250×水溶液：インピトロジエン社製）、エチレンジアミン四酢酸第二鉄ナトリウム塩0.05g/L（シグマ-アルドリッヂ社製）からなる培地を用い、培養3、5、7、9、11日目に初発培地量の8.3%を添加した。また、培養3日目以降のグルコース濃度が約4g/Lとなるように、500g/Lグルコース溶液を適宜添加した。

35 培養開始から培養終了まで培養液を毎日1回ずつ採取し、生細胞密度（細胞/mL）および細胞生存率を0.4%トリパンブルー溶液（インピトロジエン社製）を用いた色素排除法により、抗体濃度（mg/L）をHPLCによりそれぞれ測定した。

比抗体生産速度を以下の式より算出した。なお累積生細胞密度（細胞/mL×日）は、各測定時点で生細胞密度（細胞/mL）と単位時間（日）の積を計算し、それらを合計した値とした。本実

施例では、生細胞密度を1日1回測定したので、各時点の生細胞密度×1日を合計して累積生細胞密度とした。

$$\text{比抗体生産速度 (pg/細胞/日)} = \text{抗体濃度 (mg/L)} \div \text{累積生細胞密度 (細胞/mL × 日)}$$

5

浮遊攪拌リアクター無血清フェドバッチ培養を行った結果を図8に示した。生細胞密度は培養13日目に最大に達した。細胞生存率は培養開始から培養13日目まで90%以上の高い値を維持し、その後は徐々に低下して培養17日目では12%となった。累積生細胞密度は17日間で 5.6×10^7 細胞/mL×日、培養終了時の抗体濃度は1.7g/Lに達し、比抗体生産速度は30pg/細胞/日を示した。この結果は、標準的な抗体医薬の製造力値である0.5～1.0g/Lを超えるものであった。また、培養開始後5、7、14、17日目に採取した培養液より精製した抗体からN-グリカナーゼFにてアスパラギン結合型糖鎖を遊離した。除蛋白、イオン交換樹脂による脱塩の後、質量分析計にて糖鎖構造を解析した。培養開始後5、7、14、17日目のいずれの時点においてもフコースが結合した糖鎖は検出限界以下であり、フコースが結合していないN-グリコシド結合複合型糖鎖を有する抗体が安定して製造されていた。

以上の結果から、無血清培地に馴化したFUT8遺伝子ダブルノックアウト細胞は、抗体医薬の商業的な生産に用いられる浮遊攪拌リアクターでの無血清フェドバッチ培養においても、N-グリコシド結合複合型糖鎖の還元末端のN-アセチルグルコサミンにフコースが結合していない糖鎖を持つ抗体組成物を安定的に高生産できることを確認した。

20 4. 無血清フェドバッチ培養により製造されたフコースが結合していない抗体組成物の生物活性

本実施例の3項で製造した抗CD20ヒト型キメラ抗体（以下、Ms704/CD20抗体とも称す）の生物活性を測定し、本製造法で製造した抗体組成物の優位性を確認した。比較対照としては、市販抗体の生産にも用いられているCHO/DG44細胞を用いて製造した本実施例の2項記載の抗CD20ヒト型キメラ抗体（以下、DG44/CD20抗体とも称す）を用いた。

25 (1) 抗CD20ヒト型キメラ抗体のCD20抗原発現細胞株に対する抗原結合活性

W003/055993の実施例2の1項に記載の蛍光抗体法に従って測定した結果、FACS解析によるRaji細胞への抗体染色強度に差は観察されず、本実施例の3項で製造した抗CD20ヒト型キメラ抗体と、本実施例の2項記載のCHO/DG44細胞を用いて製造した抗CD20ヒト型キメラ抗体の抗原結合活性に相違は観察されなかった。従って、無血清培地に馴化したFUT8遺伝子ダブルノックアウト細胞を用いて製造を行っても、親株であるCHO/DG44細胞で製造した抗体組成物と同等の抗原結合活性を有することを確認した。

(2) 抗CD20ヒト型キメラ抗体のex vivo細胞傷害活性 (ADCC活性)

本実施例の3項で製造した抗CD20ヒト型キメラ抗体と、本実施例の2項記載のCHO/DG44細胞を用いて製造した抗CD20ヒト型キメラ抗体のヒト末梢血中でのADCC活性を、以下の様にして測定した。

24ウェル平底プレート（グライナー社製）の各ウェルに、ダルベッコPBS（インビトロジエン社）で希釈したMs704/CD20抗体およびDG44/CD20抗体を、100μL/ウェルずつ分注した。次いで、健常人から採取しヘパリンナトリウム（清水製薬社製）を加えたヒト末梢血を500μL/ウェ

ルずつ分注し、5%CO₂インキュベーター内で37℃、一晩培養した。反応後の各ウェルから150 μLずつ反応液を分取し、1%BSA-PBSで洗浄した後に、FITC標識マウス抗CD19モノクローナル抗体（ベックマン・コールター社製）およびPE標識マウス抗CD2モノクローナル抗体（ファーミングエン社製）を加えて室温、暗所で30分間反応させた。FACS Lysing Solution（ベクトン・ディッキンソン社製）で赤血球除去および細胞固定処理を行い、1%BSA-PBSで洗浄後、固定した細胞を500 μLの1%BSA-PBSに懸濁してセルストレーナー（ファルコン社製）で濾過し解析サンプルとして調製した。フローサイトメーターFACS Caliber（ベクトン・ディッキンソン社製）で1サンプルあたり約5,000個のリンパ球画分を測定し、CD2陰性CD19陽性のB細胞の、全細胞に占める比率を求めた。

図9に結果を示した。Ms704/CD20抗体添加条件では、DG44/CD20抗体添加条件よりもB細胞の割合が低下しており、Ms704/CD20抗体のB細胞に対する高いADCC活性が示された。この結果から、無血清培地に馴化したFUT8遺伝子ダブルノックアウト細胞を用いて製造した抗体組成物は、親株であるCHO/DG44細胞で製造した抗体組成物よりもヒト血漿中において高い細胞傷害活性を有することを確認した。

15 (3) 抗CD20ヒト型キメラ抗体の*in vitro*細胞傷害活性（ADCC活性）

本実施例の3項で製造した抗CD20ヒト型キメラ抗体と、本実施例の2項記載の親株であるCHO/DG44細胞で製造した抗CD20ヒト型キメラ抗体の*in vitro* ADCC活性を、実施例3に記載の方法に準じ、ヒトCD20抗原を発現するヒトBリンパ球培養細胞株WIL2-S細胞(ATCC CRL-8885)を標的細胞に用いて測定した。

20 図10に結果を示した。いずれの抗体濃度においても、Ms704/CD20抗体添加条件では、DG44/CD20抗体添加条件よりもWIL2-S細胞に対する高いADCC活性が示された。

次に、一定量のMs704/CD20抗体にDG44/CD20抗体を添加することで、フコースが結合していない糖鎖を有する抗体の割合を変化させた抗CD20ヒト型キメラ抗体組成物を調製し、そのADCC活性を測定した。具体的には、3.7ng/mLのMs704/CD20抗体に0~300ng/mLのDG44/CD20抗体を添加した抗CD20ヒト型キメラ抗体組成物を調製した。

25 図11に結果を示した。3.7ng/mLのMs704/CD20抗体にさらにMs704/CD20抗体を添加すると、総抗体濃度の増加に伴ってADCC活性の上昇が観察されたが、3.7ng/mLのMs704/CD20抗体にさらにDG44/CD20抗体を添加しても、総抗体濃度が増加するにも関わらず調製した抗体組成物のADCC活性は逆に低下した。このことは、フコースが結合する糖鎖を有する抗体分子が、フコースが結合していない糖鎖を有する抗体分子のADCC活性を阻害することを示している。また、フコースが結合する糖鎖を有する抗体分子とフコースが結合していない糖鎖を有する抗体分子が混合された抗体組成物においても、フコースが結合していない糖鎖を有する抗体の割合が20%以上の抗体組成物では、該割合が20%未満の抗体組成物に比べ顕著に高いADCC活性を示した。

30 さらに、1ng/mLのMs704/CD20抗体サンプルと、1ng/mLのMs704/CD20抗体に9倍量の9ng/mLのDG44/CD20抗体を加えた抗体のADCC活性を測定した。

図12に結果を示した。Ms704/CD20抗体のADCC活性はDG44/CD20抗体を加えることで大幅に低下した。また、Ms704/CD20抗体とDG44/CD20抗体の存在比が1対9のまま抗体組成物の抗体濃度を100倍以上に上昇させても、1ng/mLのMs704/CD20抗体サンプルのADCC活性には及ばなかった。

以上のことから、フコースが結合した糖鎖を有する抗体分子が、フコースが結合しない糖鎖を有する抗体分子のADCC活性を阻害していること、従来の抗体組成物では、本発明の抗体組成物と同等のADCC活性を発揮することはできないことが明らかとなった。

なお、本発明の製造法で製造した他の抗体組成物においても同様の結果が得られた。

5

産業上の利用可能性

本発明により、無血清培地に馴化した、N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンの6位にフコースの1位が α 結合する糖鎖修飾に関与する酵素のゲノム遺伝子がノックアウトされた細胞、該細胞を用いた糖蛋白質組成物の製造方法および該製造方法で製造された糖蛋白質組成物が提供される。

配列表フリーテキスト

配列番号10-人工配列の説明：合成DNA

配列番号11-人工配列の説明：合成DNA

15 配列番号12-人工配列の説明：合成DNA

配列番号13-人工配列の説明：合成DNA

配列番号14-人工配列の説明：合成DNA

配列番号15-人工配列の説明：合成DNA

配列番号16-人工配列の説明：合成DNA

20 配列番号17-人工配列の説明：合成DNA

配列番号20-人工配列の説明：合成DNA

配列番号21-人工配列の説明：合成DNA

配列番号22-人工配列の説明：合成DNA

配列番号23-人工配列の説明：合成DNA

25 配列番号24-人工配列の説明：合成DNA

配列番号25-人工配列の説明：合成DNA

配列番号26-人工配列の説明：合成DNA

配列番号27-人工配列の説明：合成DNA

配列番号28-人工配列の説明：合成DNA

30 配列番号29-人工配列の説明：合成DNA

配列番号30-人工配列の説明：合成DNA

配列番号31-人工配列の説明：合成DNA

配列番号32-人工配列の説明：合成DNA

請求の範囲

1. 無血清培地に馴化した、N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンの6位にフコースの1位が α 結合する糖鎖修飾に関与する酵素のゲノム遺伝子がノックアウトされた細胞。
2. 無血清培地に馴化した、N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンの6位にフコースの1位が α 結合する糖鎖修飾に関与する酵素のゲノム上の対立遺伝子のすべてがノックアウトされた、請求項1に記載の細胞。
3. 無血清培地に馴化した、N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンの6位にフコースの1位が α 結合する糖鎖修飾に関与する酵素のゲノム遺伝子の開始コドンを含むエクソン領域の部分が欠失した、請求項1または2に記載の細胞。
4. N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンの6位にフコースの1位が α 結合する糖鎖修飾に関与する酵素が、 α -1, 6-フコシルトランスフェラーゼである、請求項1～3のいずれか1項に記載の細胞。
5. α -1, 6-フコシルトランスフェラーゼが、以下の(a)または(b)から選ばれるDNAがコードする蛋白質である、請求項4に記載の細胞。
 - (a) 配列番号1で表される塩基配列からなるDNA；
 - (b) 配列番号1で表される塩基配列からなるDNAとストリンジエントな条件でハイブリダイズし、かつ α -1, 6-フコシルトランスフェラーゼ活性を有する蛋白質をコードするDNA。
6. α -1, 6-フコシルトランスフェラーゼが、以下の(a)、(b)及び(c)からなる群から選ばれる蛋白質である、請求項4に記載の細胞。
 - (a) 配列番号5で表されるアミノ酸配列からなる蛋白質；
 - (b) 配列番号5で表されるアミノ酸配列において、1以上のアミノ酸が欠失、置換、挿入および／または付加されたアミノ酸配列からなり、かつ α -1, 6-フコシルトランスフェラーゼ活性を有する蛋白質；
 - (c) 配列番号5で表されるアミノ酸配列と80%以上の相同性を有するアミノ酸配列からなり、かつ α -1, 6-フコシルトランスフェラーゼ活性を有する蛋白質。
7. N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンの6位とフコースの1位が α 結合した糖鎖構造を認識するレクチンに耐性である、請求項1～6のいずれか1項に記載の細胞。
8. 耐性が、N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンの6位とフコースの1位が α 結合した糖鎖構造を認識するレクチンを含む培地で培養した場合に、ゲノム遺伝子がノックアウトされる以前の細胞よりも高い生存率を示すことを特徴とする耐性である、請求項7に記載の細胞。
9. 無血清培地が無蛋白培地である、請求項1～8のいずれか1項に記載の細胞。
10. 糖蛋白質をコードする遺伝子を含む請求項1～9のいずれか1項に記載の細胞。
11. 糖蛋白質が、N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端のN-アセチルグルコサミンの6位とフコースの1位が α 結合した糖鎖構造を有さない糖蛋白質である請求項10に記載の細胞。

12. 糖蛋白質が、抗体である請求項 1.0 または 1.1 に記載の細胞。
13. 抗体のクラスが IgG である、請求項 1.2 に記載の細胞。
14. 請求項 1 ～ 1.3 のいずれか 1 項に記載の細胞を用いることを特徴とする、糖蛋白質組成物を製造する方法。
- 5 15. 請求項 1 ～ 1.3 のいずれか 1 項に記載の細胞を培地に培養し、培養物中に糖蛋白質組成物を生成蓄積させ、該培養物から糖蛋白質組成物を採取し、精製する工程を含む、糖蛋白質組成物を製造する方法。
16. 糖蛋白質組成物を製造する方法が、バッチ培養、フェドバッチ培養またはバーフュージョン培養である、請求項 1.4 または 1.5 に記載の方法。
- 10 17. 培養中に、栄養因子および生理活性物質から選ばれる少なくとも一種を培地に添加する、請求項 1.4 ～ 1.6 のいずれか 1 項に記載の方法。
18. 栄養因子がグルコース、アミノ酸およびビタミンから選ばれる少なくとも一種である、請求項 1.7 に記載の方法。
19. 生理活性物質が、インスリン、インスリン様増殖因子、トランスフェリンおよびアルブミンから選ばれる少なくとも一種である、請求項 1.7 に記載の方法。
- 15 20. 糖蛋白質組成物が、抗体組成物である請求項 1.4 ～ 1.9 のいずれか 1 項に記載の方法。
21. 細胞密度を 1×10^6 ～ 1×10^6 細胞 / m¹ となるように馴化培地へ接種することを特徴とする、N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端の N-アセチルグルコサミンの 6 位にフコースの 1 位が α 結合する糖鎖修飾に関与する酵素のゲノム遺伝子がノックアウトされた細胞の無血清培地への馴化方法。
- 20 22. 請求項 2.1 に記載の方法で細胞を無血清培地に馴化させた後、クローン化することを特徴とする、N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端の N-アセチルグルコサミンの 6 位にフコースの 1 位が α 結合する糖鎖修飾に関与する酵素のゲノム遺伝子がノックアウトされた細胞株を取得する方法。
23. 請求項 2.1 に記載の方法で得られる、無血清培地に馴化した N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端の N-アセチルグルコサミンの 6 位にフコースの 1 位が α 結合する糖鎖修飾に関与する酵素のゲノム遺伝子がノックアウトされた細胞。
- 25 24. 請求項 2.2 に記載の方法で得られる、無血清培地に馴化した N-グリコシド結合複合型糖鎖還元末端の N-アセチルグルコサミンの 6 位にフコースの 1 位が α 結合する糖鎖修飾に関与する酵素のゲノム遺伝子がノックアウトされたクローン細胞株。
- 25 26. 無血清培地が無蛋白培地である、請求項 2.1 または 2.2 に記載の方法。
- 26 27. 無血清培地が無蛋白培地である、請求項 2.3 に記載の細胞。
- 27 28. 無血清培地が無蛋白培地である、請求項 2.4 に記載のクローン細胞株。

図 1

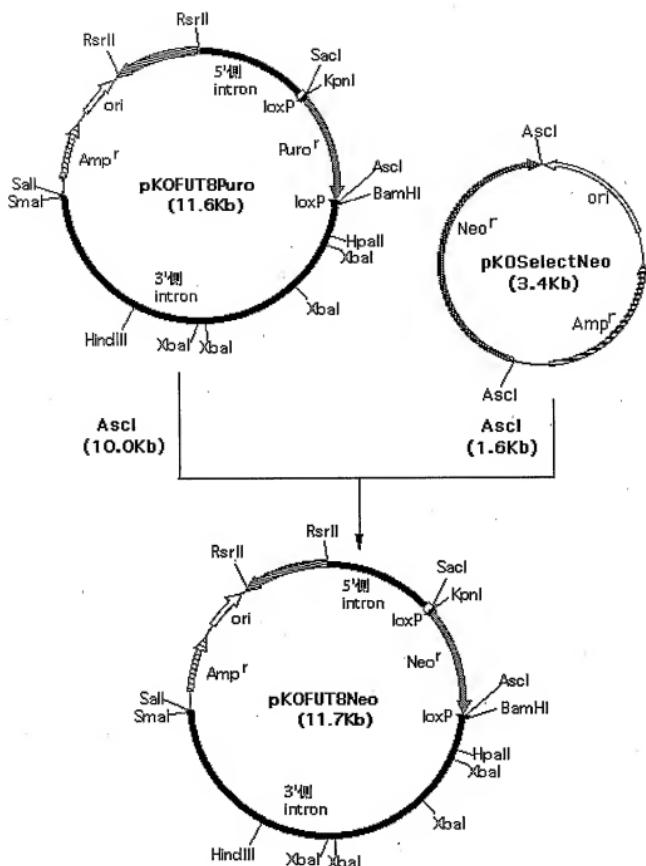
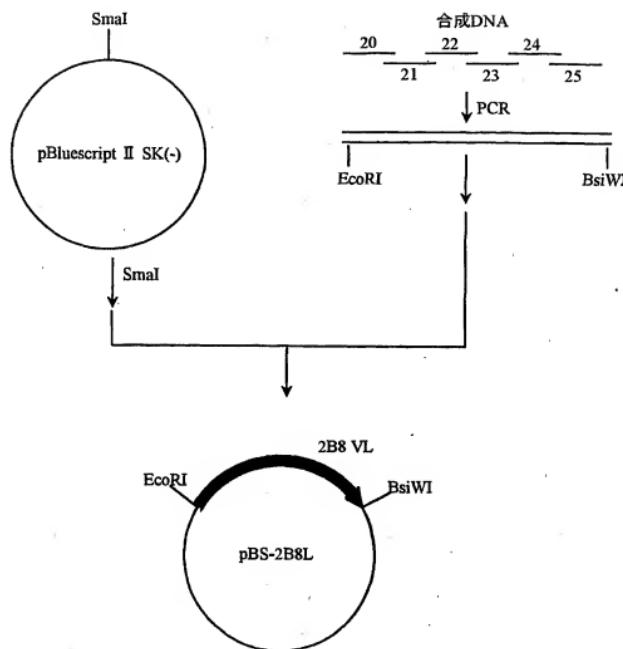
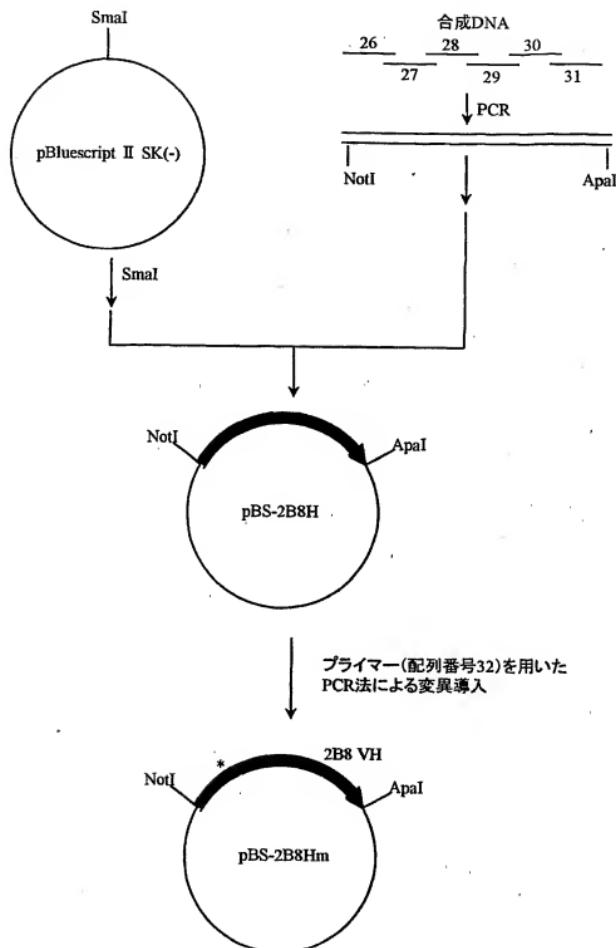


図 2



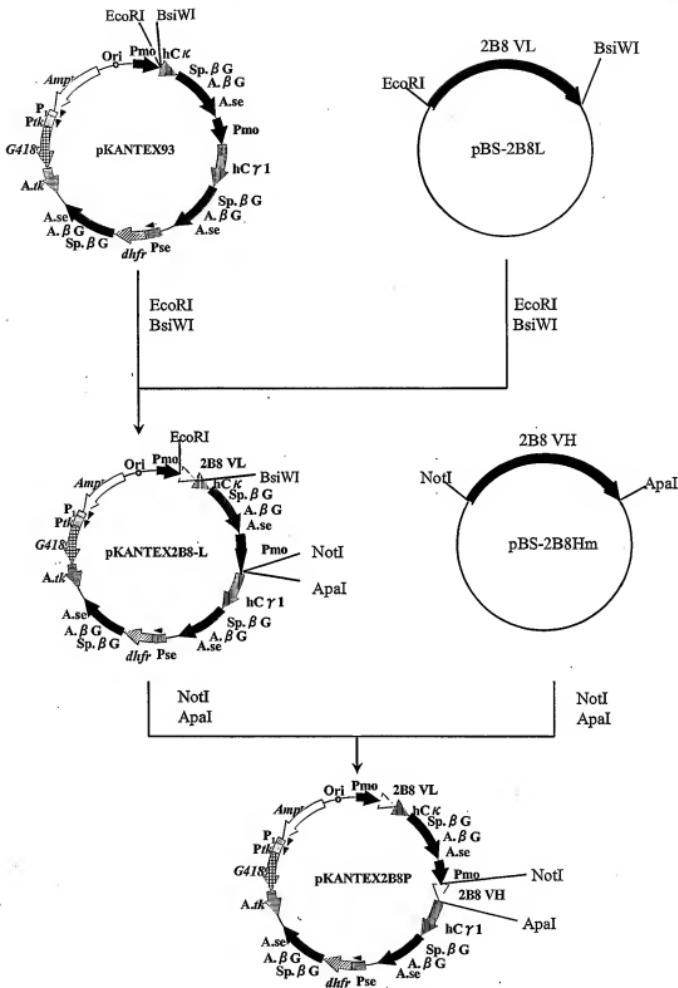
3/12

図 3



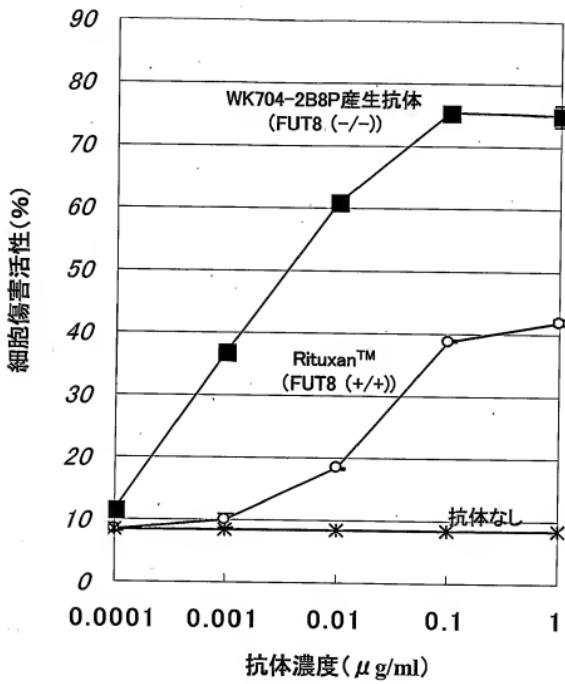
4/12

図 4



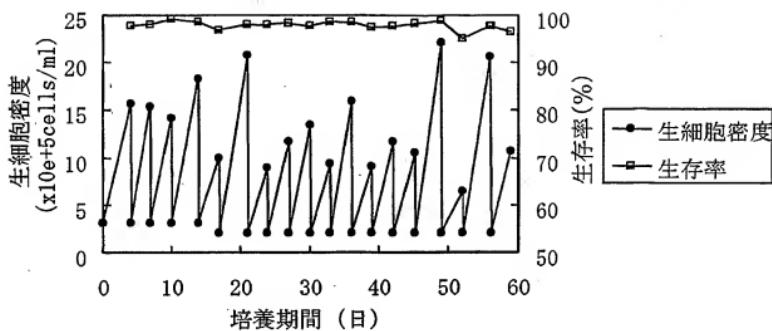
5/12

図 5



6/12

図 6



7/12

図 7

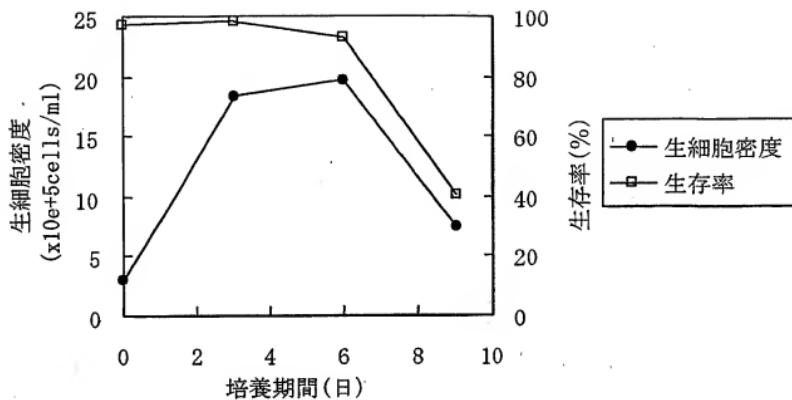
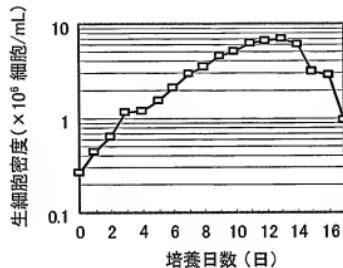
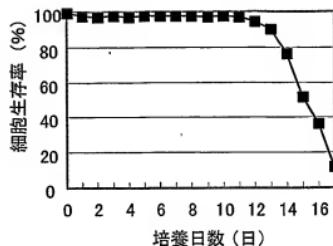


図 8

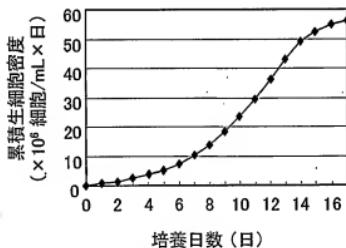
(A)



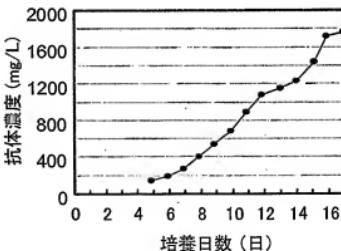
(B)



(C)

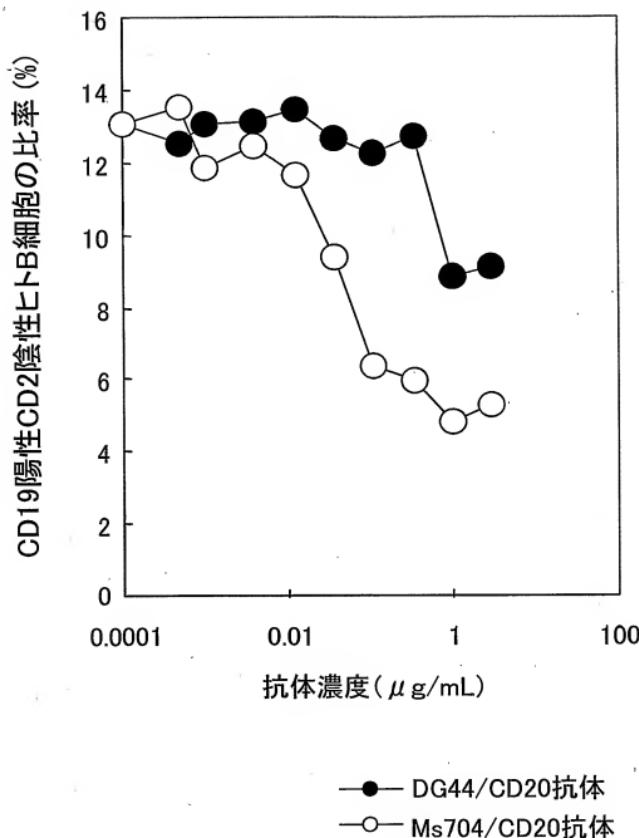


(D)



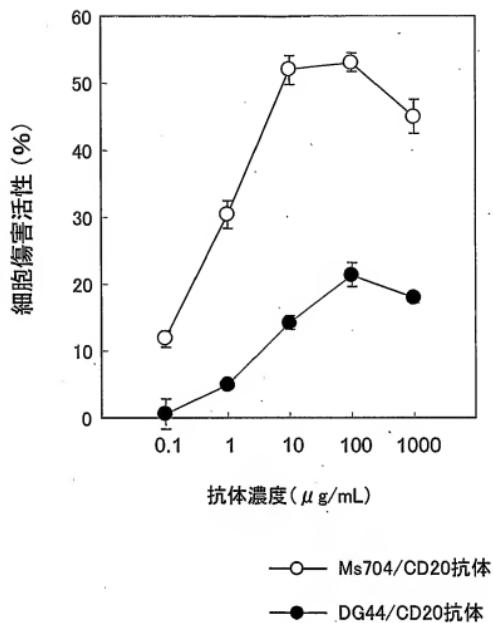
9/12

図 9



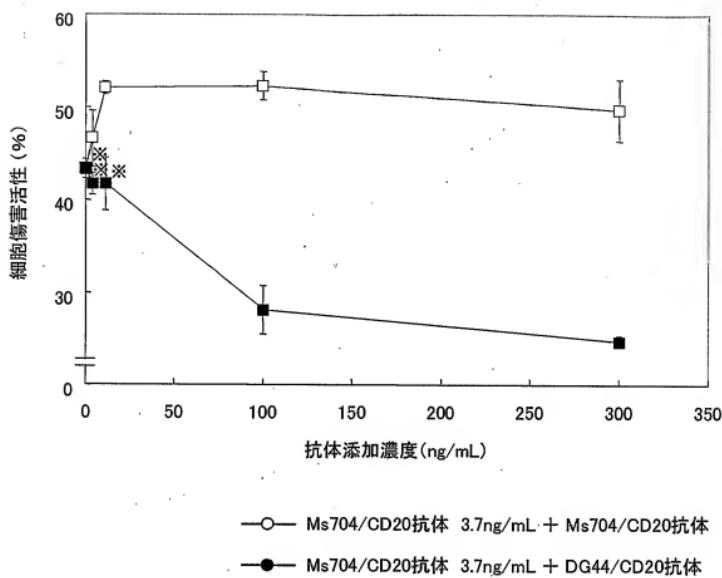
10/12

図 10



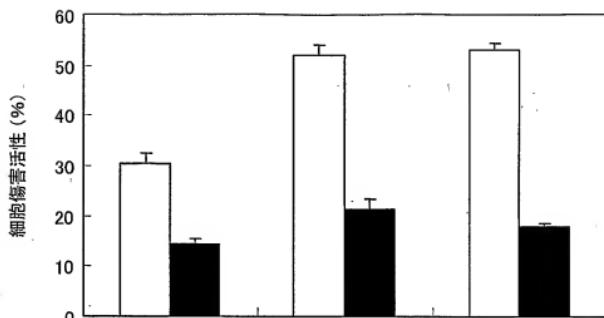
11/12

図 1 1



12/12

図 1 2



Ms704/CD20抗体 (ng/mL)	1	10	100
+	+	+	+
DG44/CD20抗体 (ng/mL)	0	9	90
総抗体濃度 (ng/mL)	1	10	100
	1000	1000	1000

SEQUENCE LISTING

<110> KYOWA HAKKO KOGYO CO., LTD.

<120> Protein-free medium adapted FUT8 knouck out cells

<130> 11620W01

<150> JP2003-350166

<151> 2003-10-09

<160> 32

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 2008

<212> DNA

<213> Cricetulus griseus

<400> 1

aacagaaaact tattttccctg tggtggctaac tagaaccaga gtacaatgtt tccaatctt 60

ttaggcctccga gaagacagaaa gggagatigaa actctigaaaa tgcgggcatg gactgggtcc 120

tggcggttggta ttatgcctat tctttttgcc tgggggacct tatttgtttta tatagggtgtt 180

cattttggttc gagataatga ccacccctgac cattctagca gagaacatctc caagatctt 240

gcaaaggctgg agcgcttaaaa acaacaaaat gaagacttga ggagaatggc tgagtcctc 300

cgaataccag aaggccctat tgatcagggg acagctiacag gaagagtcgg tgtttttagaa 360

gaacagcttg ttaaggccaa agaacagatt gaaaattaca agaaacaagc taggaatgtat 420

tggggaaagg atcatgaaat cttaggagg aggattgaaa atggagctaa agagcicigg 480
tttttctac aaagtgaatt gaagaaatta aagaatattag aagggaaacga actccaaaga 540
catgcagatg aaattcttt ggatttagga catcatgaaa ggtctatcat gacagatcta 600
tactacctca gtcaaacaga tggagcaggt gagtggcggg aaaaagaagc caaagatcg 660
acagagctgg tccagcggag aataacatat ctgcagaatc ccaaggactg cagcaaagcc 720
agaaaagctgg tatgtaatat caacaaaggc tgtggctatg gatgtcaact ccatcatgtg 780
gtttactgct tcattgtatgc ttatggcacc cagcgaacac tcatttttga atctcagaat 840
tggcgctatg ctatggagg atggagact gtgttttagac ctgttaatgt gacaatgcaca 900
gacaggctcg gcctctccac tggacactgg tcaggtgaag tgaaggacaa aaatgtcaa 960
gtggcgcgac tccccatgt agacagcctc cattctcgic ctccctactt acccttgct 1020
gttaccagaag accttgcaga tcgactcttg agagtccatg gtgtatccgtc agtgggggg 1080
gtatcccttgtt ttttgcataa ctgtatccgt ccacaacctt ggctggaaag ggaaatagaa 1140
gaaaccacca agaagcttgg ctccaacat ccagtttttg gagttccatgt cagacgcact 1200
gacaatggg gaacagaagc agccctccat cccattggg aatacatggt acacgttggaa 1260
gaacattttc agcttctcgta acgcagaatg aaaggggata aaaaaagagt gtatctggcc 1320
actgtatggacc ctcttttgtt aaaggaggca aagacaaagt actccaaatta tgaatitatt 1380
agtgtataact ctatcccttg gtcagctggta ctacacaacc gatacacacaga aaattcactt 1440
cggggcgiga tccctggatatacacttcccttc tcccaggctgg acttcccttgtt gtgtatctttt 1500

tcatcccagg tctgttaggt tgcttatgaa atcatgcaaa cactgcaccc tgaatgcctt 1560
gcaaaacttcc attcctttaga tgacacatctac tattttggag gccaaaaatgc ccacaaccag 1620
attingcagtt atcctcacca acctcgaaact aaagaggaaaa .ccccatgga acctggagat 1680
atcattttttg tggctggaaa ccatiggaat ggitacicta aaggtgtcaa cagaaaacta 1740
ggaaaaaacag gcttgcaccc ttcciacaaa gtccgagaga agatagaaac agtcaaaatac 1800
cciacatatac cigaaggcgtg aaaatagaga tggagtgtaa gagatiaaca acagaaitta 1860
gttcagacca tctcagccaa gcagaagacc cagactaaca tatggttcat tgacagacat 1920
gcicccgacc aagagcaagt gggaaaccttc agalgcigca ctggtgaaac gcccttttgt 1980
gaagggctgc tgigccctca agcccaatg 2008

<210> 2

<211> 1728

<212> DNA

<213> Mus musculus

<400> 2

atgcgggcat ggactggttc ctggcggttg attatgtctca ttctttttgc ctgggggacc 60
tttgttatttt atatagggtgg tcattttttt cgagataatg accacccctga tcactccaggc 120
agagaactct ccaagatctc tgcaaagctt gaacgcctaa aacagcaaaa tgaagacttg 180
aggcgaatgg ctgagtcctc ccgaataccca gaaggccccca ttgaccaggg gacagctaca 240
ggaagagatcc gttttttttaga agaacagctt gttaaaggcca aagaacagat taaaattttac 300
aagaaaacaag ctggaaatgg tctggggaaatgg gatcatgaaa tcttaagaag gaggatgtaa 360

aatggagct aagagctctg gtttttcta caaagcgaac tgaagaatt aaagcattta 420
gaagggaaatg aactccaaag acatgcagat gaaatcttt tggatitagg acaccaigaa 480
aggctatca tgacagatct atactaccctc agtcaaacag atggagcagg ggattggcgt 540
aaaaaaaggagg ccaaagaatct gacagagctg gtccagcgga gaataaacata tctccagaat 600
cciaaggact gcagcaaaggc caggaagctg gtgtgtaaaca tcaataaagg ctgtggctat 660
gttgtgtcaac tccatcacgt ggtctactgt ttcatgtattt ctatggcac ccagcgaaca 720
ctcatcttgg aatctcagaa ttggcgtat gctactggtg gatgggagac tgtgtttaga 780
cctgtaaatg agacatgtac agacagaatct ggccctctcca ctggacactg gtcaggigaa 840
gttaaatgaca aaaacattca agtggcgtag ctccccattt tagacagctt ccaaccttgg 900
cctcccttact taccactggc tttccagaa gacccttgcag accgactctt aagagttccat 960
ggggaccctt cagtgtgggtt ggtgtcccg tttgtcaaat acttgtttcg tccacaacct 1020
tggctggaaa aggaatata gaaagccacc aagaaatctt gcttcaaca tccagttttt 1080
ggagttccatg tcagacgcac agacaaatgt ggaacagaag cagccttccca ccccatcgag 1140
gagtataatgg tacacgttga agaacatttt cagcttctcg cacgcagaat gcaagtggat 1200
aaaaaaaaagag tatatcttgc tactgtatgtt cctactttttt taaaggaggc aaagacaaag 1260
tacccaaattt atgaattttt tagtgataac tctttttttt ggtcagctgg actacacaat 1320
cggtacacag aaaatctact tcgggggttg atccctggata tacacttctt ctacacaggct 1380
gactttcttag tggttactttt ttcatccctg gtctgtcggtt tttgtttatga aatcatgcaaa 1440

<210> 3

<211> 3677

<212> DNA

<213> Homo sapiens (GenBank Accession #: NM 178156)

<400> 3

cgttttagtac agaaaatctca. tgggagagag catccatgca tttacaatt gitattgaat 60

tatTTattg aatgtatgaca cccaaaactga gcttagaacat aatttcggct ctgtcttagtac 120

atcttcgttg tgatcttgaa caagtcaactc tactttccctt tcaattttctt ttttctcacag 180

ggagataatc ataaaaacga ctgtaaagta caggacttca tagatgtttt tttgtttaaa 240

gacatgttcaaa tccatacggc tatacaggta tagggatggcc tccatctccaa cttggatgttc 300

ttggccccc aggtttat tttggatccg ccgttcattt ttttatatac tatgtatagg 260

〈210〉 4

3677

<211> 1836

<212> DNA

<213> Sus scrofa (GenBank Accesion # : D86723.1)

<400> 4

atgtttcaa ttctttagc tctaggaagc cacgaaatgt agtggaaaatgc 60
ggccatggac tgggtcgigg cgttggatta tgctcatct ttgtccgtt gggaccttc 120
tattttacat aggtggcac tttggtacgag ataatgacca ctctgatcac tctagccgag 180
aactgtccaa gattttggca aagcttggaaac gcctaaaaca acaaaaatgaa gacttgaggaa 240
gaatggctga atcttcggaa ataccagaag gcccattgtt tcagggccca gcttcaggaa 300
gagttcggtc tttagaagag caatttatgtt aggc当地 aacatgtt aattataaga 360
aacaactaa aaatggtcca gggaggatc atgaaaatct aaggaggagg attgaaaatg 420
gagctaaaga gctctggtt ttcttacaaa gtgtttttt gaaattaaag aatttttagaa 480
aaaaatgtt aact ccaaagacat gcagatgtt tttttttttt catgaaaatgtt 540
ctataatgtt ggtttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 600
aggaggccaa agatctgaca gagcttggtcc agcgggaaat aacataatctt cagaatcccc 660
aggacatgtt aatggccaaag aagcttagtgtt gtaatgtt aatggccgtt ggctatgtt 720
gttgcgttccaa tcatgtt aatggccaaag aagcttagtgtt gtaatgtt aatggccgtt ggctatgtt 780
ccatgtt aatggccaaag aagcttagtgtt gtaatgtt aatggccgtt ggctatgtt 840
taatgtt aatggccaaag aagcttagtgtt gtaatgtt aatggccgtt ggctatgtt 900
aggacacaaaaa tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 960

caiaattiacc cciggcigtc ccagaagacc ttgcagatcg acttgtacga gttccatggig 1020
atccitgeagt ggggtggta tcceaggatig tcaagtgactt gattcgccca caaccctggc 1080
tggaaaagga aatagaagag gccacccaaga agcttaggctt caaacatcca gttatggag 1140
tccatgttag acgcacagac aaagtgggag cggaagcagc ctccatccc attgaggaat 1200
acacgggtgca cgttgaagaa gactttcagc ttcttgcgtc cagaatgcaa gtggataaaa 1260
aaagggtgtt ttiaggccaca gatgaccctg ctgtttaaaa agaaggcaaaa acaaagtacc 1320
ccagttatga atttatttagt gataactcta tctcttggtc agctggacta cataatcgat 1380
atacagaaaa ttcaacttcgg gggtgtatcc tggatataca ctctcttcc caggcagact 1440
tcctagtggtg tacttttca tcgcaggctt gttaggttgc ttatgaaatc atgcaagcgc 1500
tgcatccatgaa tgcctctgcg aacttccgtt ctgttggatga catctactat ttggaggcc 1560
caaatgccca caaccaaattt gccatttatc ctacccaacc tcgaactgaa ggagaaatcc 1620
ccatggaaacc tggagatatt attgggtgtgg ctggaaatca ctgggaatggc tatccatcaaag 1680
gtgttaacag aaaactggga aggacgggcc tataatccctc ctacaaagttt cgagagaaga 1740
tagaaacagt caagtacccc acataatcccg aggctgacaa gtaaagctt gacggacaga 1800
tgagaaaagac aaccaaactc agtcaaaacc atttga 1836

<210> 5

<211> 575

<212> PRT

<213> Cricetulus griseus

<400> 5

Met Arg Ala Trp Thr Gly Ser Trp Arg Trp Ile Met Leu Ile Leu Phe
1 5 10 15

Ala Trp Gly Thr Leu Leu Phe Tyr Ile Gly Gly His Leu Val Arg Asp
20 25 30

Asn Asp His Pro Asp His Ser Ser Arg Glu Leu Ser Lys Ile Leu Ala
35 40 45

Lys Leu Glu Arg Leu Lys Gln Gln Asn Glu Asp Leu Arg Arg Met Ala
50 55 60

Glu Ser Leu Arg Ile Pro Glu Gly Pro Ile Asp Gln Gly Thr Ala Thr
65 70 75 80

Gly Arg Val Arg Val Leu Glu Glu Gln Leu Val Lys Ala Lys Glu Gln
85 90 95

Ile Glu Asn Tyr Lys Lys Gln Ala Arg Asn Asp Leu Gly Lys Asp His
100 105 110

Glu Ile Leu Arg Arg Arg Ile Glu Asn Gly Ala Lys Glu Leu Trp Phe
115 120 125

Phe Leu Gln Ser Glu Leu Lys Lys Leu Lys Lys Leu Glu Gly Asn Glu.
130 135 140

Leu Gln Arg His Ala Asp Glu Ile Leu Leu Asp Leu Gly His His Glu
145 150 155 160

Arg Ser Ile Met Thr Asp Leu Tyr Tyr Leu Ser Gln Thr Asp Gly Ala
165 170 175

Gly Glu Trp Arg Glu Lys Glu Ala Lys Asp Leu Thr Glu Leu Val Gln

180	185	190
Arg Arg Ile Thr Tyr Leu Gln Asn Pro Lys Asp Cys Ser Lys Ala Arg		
195	200	205
Lys Leu Val Cys Asn Ile Asn Lys Gly Cys Gly Tyr Gly Cys Gln Leu		
210	215	220
His His Val Val Tyr Cys Phe Met Ile Ala Tyr Gly Thr Gln Arg Thr		
225	230	235
Leu Ile Leu Glu Ser Gln Asn Trp Arg Tyr Ala Thr Gly Gly Trp Glu		
245	250	255
Thr Val Phe Arg Pro Val Ser Glu Thr Cys Thr Asp Arg Ser Gly Leu		
260	265	270
Ser Thr Gly His Trp Ser Gly Glu Val Lys Asp Lys Asn Val Gln Val		
275	280	285
Val Glu Leu Pro Ile Val Asp Ser Leu His Pro Arg Pro Pro Tyr Leu		
290	295	300
Pro Leu Ala Val Pro Glu Asp Leu Ala Asp Arg Leu Leu Arg Val His		
305	310	315
Gly Asp Pro Ala Val Trp Trp Val Ser Gln Phe Val Lys Tyr Leu Ile		
325	330	335
Arg Pro Gln Pro Trp Leu Glu Arg Glu Ile Glu Glu Thr Thr Lys Lys		
340	345	350
Leu Gly Phe Lys His Pro Val Ile Gly Val His Val Arg Arg Thr Asp		
355	360	365
Lys Val Gly Thr Glu Ala Ala Phe His Pro Ile Glu Glu Tyr Met Val		

370	375	380
His Val Glu Glu His Phe Gln Leu Leu Glu Arg Arg Met Lys Val Asp		
385	390	395
Lys Lys Arg Val Tyr Leu Ala Thr Asp Asp Pro Ser Leu Leu Lys Glu		
405	410	415
Ala Lys Thr Lys Tyr Ser Asn Tyr Glu Phe Ile Ser Asp Asn Ser Ile		
420	425	430
Ser Trp Ser Ala Gly Leu His Asn Arg Tyr Thr Glu Asn Ser Leu Arg		
435	440	445
Gly Val Ile Leu Asp Ile His Phe Leu Ser Gln Ala Asp Phe Leu Val		
450	455	460
Cys Thr Phe Ser Ser Gln Val Cys Arg Val Ala Tyr Glu Ile Met Gln		
465	470	475
480		
Thr Leu His Pro Asp Ala Ser Ala Asn Phe His Ser Leu Asp Asp Ile		
485	490	495
Tyr Tyr Phe Gly Gly Gln Asn Ala His Asn Gln Ile Ala Val Tyr Pro		
500	505	510
His Gln Pro Arg Thr Lys Glu Ile Pro Met Glu Pro Gly Asp Ile		
515	520	525
Ile Gly Val Ala Gly Asn His Trp Asn Gly Tyr Ser Lys Gly Val Asn		
530	535	540
Arg Lys Leu Gly Lys Thr Gly Leu Tyr Pro Ser Tyr Lys Val Arg Glu		
545	550	555
560		
Lys Ile Glu Thr Val Lys Tyr Pro Thr Tyr Pro Glu Ala Glu Lys		

565

570

575

<210> 6

<211> 575

<212> PRT

<213> Mus musculus

<400> 6

Met Arg Ala Trp Thr Gly Ser Trp Arg Trp Ile Met Leu Ile Leu Phe
1 5 10 15

Ala Trp Gly Thr Leu Leu Phe Tyr Ile Gly Gly His Leu Val Arg Asp
20 25 30

Asn Asp His Pro Asp His Ser Ser Arg Glu Leu Ser Lys Ile Leu Ala
35 40 45

Lys Leu Glu Arg Leu Lys Gln Gln Asn Glu Asp Leu Arg Arg Met Ala
50 55 60

Glu Ser Leu Arg Ile Pro Glu Gly Pro Ile Asp Gln Gly Thr Ala Thr
65 70 75 80

Gly Arg Val Arg Val Leu Glu Glu Gln Leu Val Lys Ala Lys Glu Gln
85 90 95

Ile Glu Asn Tyr Lys Lys Gln Ala Arg Asn Gly Leu Gly Lys Asp His
100 105 110

Glu Ile Leu Arg Arg Arg Ile Glu Asn Gly Ala Lys Glu Leu Trp Phe
115 120 125

Phe Leu Gln Ser Glu Leu Lys Lys Leu Lys His Leu Glu Gly Asn Glu
130 135 140

Leu Gln Arg His Ala Asp Glu Ile Leu Leu Asp Leu Gly His His Glu
145 150 155 160

Arg Ser Ile Met Thr Asp Leu Tyr Tyr Leu Ser Gln Thr Asp Gly Ala
165 170 175

Gly Asp Trp Arg Glu Lys Glu Ala Lys Asp Leu Thr Glu Leu Val Gln
180 185 190

Arg Arg Ile Thr Tyr Leu Gln Asn Pro Lys Asp Cys Ser Lys Ala Arg
195 200 205

Lys Leu Val Cys Asn Ile Asn Lys Gly Cys Gly Tyr Gly Cys Gln Leu
210 215 220

His His Val Val Tyr Cys Phe Met Ile Ala Tyr Gly Thr Gln Arg Thr
225 230 235 240

Leu Ile Leu Glu Ser Gln Asn Trp Arg Tyr Ala Thr Gly Gly Trp Glu
245 250 255

Thr Val Phe Arg Pro Val Ser Glu Thr Cys Thr Asp Arg Ser Gly Leu
260 265 270

Ser Thr Gly His Trp Ser Gly Glu Val Asn Asp Lys Asn Ile Gln Val
275 280 285

Val Glu Leu Pro Ile Val Asp Ser Leu His Pro Arg Pro Pro Tyr Leu
290 295 300

Pro Leu Ala Val Pro Glu Asp Leu Ala Asp Arg Leu Leu Arg Val His
305 310 315 320

Gly Asp Pro Ala Val Trp Trp Val Ser Gln Phe Val Lys Tyr Leu Ile
325 330 335

Arg Pro Gln Pro Trp Leu Glu Lys Glu Ile Glu Ala Thr Lys Lys
340 345 350

Leu Gly Phe Lys His Pro Val Ile Gly Val His Val Arg Arg Thr Asp
355 360 365

Lys Val Gly Thr Glu Ala Ala Phe His Pro Ile Glu Glu Tyr Met Val
370 375 380

His Val Glu Glu His Phe Gln Leu Leu Ala Arg Arg Met Gln Val Asp
385 390 395 400

Lys Lys Arg Val Tyr Leu Ala Thr Asp Asp Pro Thr Leu Leu Lys Glu
405 410 415

Ala Lys Thr Lys Tyr Ser Asn Tyr Glu Phe Ile Ser Asp Asn Ser Ile
420 425 430

Ser Trp Ser Ala Gly Leu His Asn Arg Tyr Thr Glu Asn Ser Leu Arg
435 440 445

Gly Val Ile Leu Asp Ile His Phe Leu Ser Gln Ala Asp Phe Leu Val
450 455 460

Cys Thr Phe Ser Ser Gln Val Cys Arg Val Ala Tyr Glu Ile Met Gln
465 470 475 480

Thr Leu His Pro Asp Ala Ser Ala Asn Phe His Ser Leu Asp Asp Ile
485 490 495

Tyr Tyr Phe Gly Gly Gln Asn Ala His Asn Gln Ile Ala Val Tyr Pro
500 505 510

His Lys Pro Arg Thr Glu Glu Glu Ile Pro Met Glu Pro Gly Asp Ile
515 520 525

Ile Gly Val Ala Gly Asn His Trp Asp Gly Tyr Ser Lys Gly Ile Asn
530 535 540

Arg Lys Leu Gly Lys Thr Gly Leu Tyr Pro Ser Tyr Lys Val Arg Glu
545 550 555 560

Lys Ile Glu Thr Val Lys Tyr Pro Thr Tyr Pro Glu Ala Glu Lys
565 570 575

<210> 7

<211> 446

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 7

Met Ala Ile Thr Val Ser Leu Val Asn Asn Lys Arg Lys Ile Val Val
1 5 10 15

Leu Ala Gln Pro Thr Thr Val Lys Arg Lys Arg Ile Thr Pro Tyr Lys
20 25 30

Ser Ile Met Thr Asp Leu Tyr Tyr Leu Ser Gln Thr Asp Gly Ala Gly
35 40 45

Asp Trp Arg Glu Lys Glu Ala Lys Asp Leu Thr Glu Leu Val Gln Arg
50 55 60

Arg Ile Thr Tyr Leu Gln Asn Pro Lys Asp Cys Ser Lys Ala Lys Lys
165 70 75 80

Leu Val Cys Asn Ile Asn Lys Gly Cys Gly Tyr Gly Cys Gln Leu His
85 90 95

His Val Val Tyr Cys Phe Met Ile Ala Tyr Gly Thr Gln Arg Thr Leu
100 105 110

Ile Leu Glu Ser Gln Asn Trp Arg Tyr Ala Thr Gly Gly Trp Glu Thr
115 120 125

Val Phe Arg Pro Val Ser Glu Thr Cys Thr Asp Arg Ser Gly Ile Ser
130 135 140

Thr Gly His Trp Ser Gly Glu Val Lys Asp Lys Asn Val Gln Val Val
145 150 155 160

Glu Leu Pro Ile Val Asp Ser Leu His Pro Arg Pro Pro Tyr Leu Pro
165 170 175

Leu Ala Val Pro Glu Asp Leu Ala Asp Arg Leu Val Arg Val His Gly
180 185 190

Asp Pro Ala Val Trp Trp Val Ser Gln Phe Val Lys Tyr Leu Ile Arg
195 200 205

Pro Gln Pro Trp Leu Glu Lys Glu Ile Glu Glu Ala Thr Lys Lys Leu
210 215 220

Gly Phe Lys His Pro Val Ile Gly Val His Val Arg Arg Thr Asp Lys
225 230 235 240

Val Gly Thr Glu Ala Ala Phe His Pro Ile Glu Glu Tyr Met Val His
245 250 255

Val Glu Glu His Phe Gln Leu Leu Ala Arg Arg Met Gln Val Asp Lys
260 265 270

Lys Arg Val Tyr Leu Ala Thr Asp Asp Pro Ser Leu Leu Lys Glu Ala
275 280 285

Lys Thr Lys Tyr Pro Asn Tyr Glu Phe Ile Ser Asp Asn Ser Ile Ser
290 295 300

Trp Ser Ala Gly Leu His Asn Arg Tyr Thr Glu Asn Ser Leu Arg Gly
305 310 315 320

Val Ile Leu Asp Ile His Phe Leu Ser Gln Ala Asp Phe Leu Val Cys
325 330 335

Thr Phe Ser Ser Gln Val Cys Arg Val Ala Tyr Glu Ile Met Gln Thr
340 345 350

Leu His Pro Asp Ala Ser Ala Asn Phe His Ser Leu Asp Asp Ile Tyr
355 360 365

Tyr Phe Gly Gly Gln Asn Ala His Asn Gln Ile Ala Ile Tyr Ala His
370 375 380

Gln Pro Arg Thr Ala Asp Glu Ile Pro Met Glu Pro Gly Asp Ile Ile
385 390 395 400

Gly Val Ala Gly Asn His Trp Asp Gly Tyr Ser Lys Gly Val Asn Arg
405 410 415

Lys Leu Gly Arg Thr Gly Leu Tyr Pro Ser Tyr Lys Val Arg Glu Lys
420 425 430

Ile Glu Thr Val Lys Tyr Pro Thr Tyr Pro Glu Ala Glu Lys
435 440 445

<210> 8

<211> 575

<212> PRT

<213> Sus scrofa

<400> 8

Met Arg Pro Trp Thr Gly Ser Trp Arg Trp Ile Met Leu Ile Leu Phe

1 5 10 15

Ala Trp Gly Thr Leu Leu Phe Tyr Ile Gly Gly His Leu Val Arg Asp
20 25 30

Asn Asp His Ser Asp His Ser Ser Arg Glu Leu Ser Lys Ile Leu Ala
35 40 45

Lys Leu Glu Arg Leu Lys Gln Gln Asn Glu Asp Leu Arg Arg Met Ala
50 55 60

Glu Ser Leu Arg Ile Pro Glu Gly Pro Ile Asp Gln Gly Pro Ala Ser
165 70 75 80

Gly Arg Val Arg Ala Leu Glu Glu Gln Phe Met Lys Ala Lys Glu Gln
85 90 95

Ile Glu Asn Tyr Lys Gln Thr Lys Asn Gly Pro Gly Lys Asp His
100 105 110

Glu Ile Leu Arg Arg Ile Glu Asn Gly Ala Lys Glu Leu Trp Phe
115 120 125

Phe Leu Gln Ser Glu Leu Lys Lys Leu Lys Asn Leu Glu Gly Asn Glu
130 135 140

Leu Gln Arg His Ala Asp Glu Phe Leu Ser Asp Leu Gly His His Glu
145 150 155 160

Arg Ser Ile Met Thr Asp Leu Tyr Tyr Leu Ser Gln Thr Asp Gly Ala
165 170 175

Gly Asp Trp Arg Glu Lys Glu Ala Lys Asp Leu Thr Glu Leu Val Gln
180 185 190

Arg Arg Ile Thr Tyr Leu Gln Asn Pro Lys Asp Cys Ser Lys Ala Lys

195	200	205
Lys Leu Val Cys Asn Ile Asn Lys Gly Cys Gly Tyr Gly Cys Gln Leu		
210	215	220
His His Val Val Tyr Cys Phe Met Ile Ala Tyr Gly Thr Gln Arg Thr		
225	230	235
240		
Leu Ala Leu Glu Ser His Asn Trp Arg Tyr Ala Thr Gly Gly Trp Glu		
245	250	255
Thr Val Phe Arg Pro Val Ser Glu Thr Cys Thr Asp Arg Ser Gly Ser		
260	265	270
Ser Thr Gly His Trp Ser Gly Glu Val Lys Asp Lys Asn Val Gln Val		
275	280	285
Val Glu Leu Pro Ile Val Asp Ser Val His Pro Arg Pro Pro Tyr Leu		
290	295	300
Pro Leu Ala Val Pro Glu Asp Leu Ala Asp Arg Leu Val Arg Val His		
305	310	315
320		
Gly Asp Pro Ala Val Trp Trp Val Ser Gln Phe Val Lys Tyr Leu Ile		
325	330	335
Arg Pro Gln Pro Trp Leu Glu Lys Glu Ile Glu Glu Ala Thr Lys Lys		
340	345	350
Leu Gly Phe Lys His Pro Val Ile Gly Val His Val Arg Arg Thr Asp		
355	360	365
Lys Val Gly Ala Glu Ala Ala Phe His Pro Ile Glu Glu Tyr Thr Val		
370	375	380
His Val Glu Glu Asp Phe Gln Leu Leu Ala Arg Arg Met Gln Val Asp		

385	390	395	400
Lys Lys Arg Val Tyr Leu Ala Thr Asp Asp Pro Ala Leu Leu Lys Glu			
405	410	415	
Ala Lys Thr Lys Tyr Pro Ser Tyr Glu Phe Ile Ser Asp Asn Ser Ile			
420	425	430	
Ser Trp Ser Ala Gly Leu His Asn Arg Tyr Thr Glu Asn Ser Leu Arg			
435	440	445	
Gly Val Ile Leu Asp Ile His Phe Leu Ser Gln Ala Asp Phe Leu Val			
450	455	460	
Cys Thr Phe Ser Ser Gln Val Cys Arg Val Ala Tyr Glu Ile Met Gln			
465	470	475	480
Ala Leu His Pro Asp Ala Ser Ala Asn Phe Arg Ser Leu Asp Asp Ile			
485	490	495	
Tyr Tyr Phe Gly Gly Pro Asn Ala His Asn Gln Ile Ala Ile Tyr Pro			
500	505	510	
His Gln Pro Arg Thr Glu Gly Glu Ile Pro Met Glu Pro Gly Asp Ile			
515	520	525	
Ile Gly Val Ala Gly Asn His Trp Asp Gly Tyr Pro Lys Gly Val Asn			
530	535	540	
Arg Lys Leu Gly Arg Thr Gly Leu Tyr Pro Ser Tyr Lys Val Arg Glu			
545	550	555	560
Lys Ile Glu Thr Val Lys Tyr Pro Thr Tyr Pro Glu Ala Asp Lys			
565	570	575	

<210> 9

<211> 9196

<212> DNA

<213> *Cricetulus griseus*

<400> 9

tcttagaccag gctggtctcg aactcacaga gaaccacactg cctctgccac ctgagtgcgt 60

ggattaaagg tgtgcaccac caccgcccgg cgtaaaaatca tattttgaa tattgtata 120

afttacatta taattgttaag taaaaatttt cagcctatcc ttgttatacat ttttgcgtaa 180

attattcttt ttgttgcata taatagtctta gggaaacata aagtataat 240

ttttgtctat gtatttgcat atatatctat ttaatctcct aatgtccagg aaataaaatag 300

ggatatgtaat agcttcaaca tgggtatga tagaattttt cagtgcata taagttgtta 360

atcaatttggc tggccagaact agaaatttat tttaatcagg aagccccaaa tctgttcatt 480

attttatatat atatggaaag attaggcata ctaactgatt cttcacccgt tttagaacat 540

atgttgtttt atggccatttag tttttttacc ccaccccaat tattggaatg tattttcatg 660

Journal of Oral Rehabilitation 2000; 27: 780-786 © 2000 Blackwell Science Ltd

www.nature.com/scientificreports/ | [https://doi.org/10.1038/s43246-023-03907-8](#) Accepted author manuscript

cccacccctt ccagagtggtt aaacaactttt aaccattttttt cagacccatgg tctttatgg 960
aatgatagat ggggataataca gatttatagg cacaggggtt tgagaaaggg agaaggtaaaa 1020
cagtagagtt taacaacaac aaaaagtataa ctttgtaaaac gtaaaaactat ttatataagt 1080
atgtacatgtt acatataataa ttccttggga ttatgtgcctt tttttttttt ctttcaaata 1140
atgtacatgtt acatataaccc tccccccatc tataatttttt cagaaatcg aataaaatgg 1200
gtttctggta cttttttttt tagagaattt atttttttt ggttttttttt cttttttttt 1260
caataaaaaat taagggttcag taatagaaaaaaa aaaaactctgtt tttttttttt cccctttttt 1320
cagcttttttctt atttaatccctt ttaatgtataa tttttttttt ggccaatgtt tcaaaatgtata 1380
tagcccttgtt tttttttttt tttttttttt cttttttttt cttttttttt cttttttttt 1440
tctataatataat atgacatttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1500
tttcatatataat gtttttttttt ggaggagata atttttttttt taagagaatctt ctaaggcatac 1560
ttttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1620
ttttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1680
ttttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1740
ttttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1800
ggttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1860
ataaacccctt ctccctttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1920
ttttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1980

attctatgga ctacaacaga gacataaatt ttgaaaggct tagttactct taaattctta 3120
tgaatgaaaag caaaaatICA ttgttaaata gaacagigca tccggaaatgt gggtaattat 3180
tgccatattt ctatgtact aaaaattgtg gcataactgt tcaaagtcat cagttgttg 3240
gaaagccaaa gtcgttattt aaatggaaaac ataaacaatg atatctattt ctatgttac 3300
ttaacttgcg gttactgtgtt ttacaagtgt tcgtacaact ttggatttc tttacttcata 3360
tctaagaatg atcatgtgtt cagtgcttac tgcactttt aaaaactgca gggcttagaca 3420
tgcagatatg aagacttiga cattagatgt ggtaattggc actaccagca agtggatatta 3480
agatacagct gaatalattt ctttttggg aacataatc atgaatggaa agtggagcat 3540
tagagaggat gccttctggc tctcccacac cactgtttgc atccattgca tttcacactg 3600
ctttttagaac tcaaatgtttt catatggat attgtgttac tcaccatcg ttttatcttt 3660
aaatgtctat ggatgtataat gtgtgtatgtt aacacittt caaaaacaaa tgaagccata 3720
tccctcggtgt gagttgtgtt gggtttttt gtcacaatag gatttttcg caaggaacta 3780
agtccaggac aagaagtggg cgatactttt ttggattttt tcaatttact ggaatgtcat 3840
cagggagggt taigaaagtt gtggctttt aactgaaatt atatgtgatt cattttttttt 3900
gttttaggcc ttgtctatag taactatcat ttatggaa ttgttcatat gtgccaattt 3960
gtcatgggcc agacagcggtt ttttactgaa ttcttagata tctttatgag attcttagiac 4020
tgttttcagc cattttacag atgaagaatc ttaaaaaatg ttaataatt tagtttgc 4080
aagattataac gtttacaat ggtttagaccc tctttttttt cttttttttt ggtttttttt 4140

tccgaactct tatacttcccta agctgaaaac agaaaaagca atgaccaga aaattttatt 4200
taaaagtcic aggagagact tcccatcccg agaagatctc ttttccctt tataatttag 4260
gtccctgaat aatcactgaa ttttctccat gtcccatctt tagtactgtt atttcttgtt 4320
tccttttttc ttaccacaaa gtatcttgtt ttgtctgtat gaaagaaaat gtgttatgtt 4380
aaigtgaaat tcctgtccc tgcaagggtcc cacatccgcc tcaatccaa ataaacacac 4440
agaggcgtia taaattatga aacitgttgtt cagttggctt gggctcttta ttggctagct 4500
ctgtcttaat tattaaacca taactactat tgtaagtatt tccatgttgtt ctatcttac 4560
caagggaaagg gtccaggggac ctcttactcc tcggcggtt tgccagtgaa gaggagagag 4620
cgatttccctt ttgtctctg ctattttctt gatctgtcic agctatgtca ctccctgcct 4680
ggccaatcag ccaatcgtt tttatccat tagccaataa aagaacatt tacacagaag 4740
gacttccccc atcatgttat ttgtatgtt tcttcagaaa atcatagttt cttttaatac 4800
taatttttat aaaaaattaa ttgtatgtaa aattatgtt atatgtgtt gtgtgtcgat 4860
ttgtgtcat aagtagcatg gagtgccagaa gagggaatca gatctttttt taagggacaa 4920
agagtttatt cagattacat tttaagggtga taatgtatga ttgcaagggtt atcaacaatgg 4980
cagaaaatgt aagaagctgg tcacattaca tccagagica agatgtagaga gcaatgaatt 5040
gtatgtca gtcgtgtctt cagtcactt ttccgtggac tgagctgtt gtaagccatc 5100
tgatgtctttt gctggaaact aactcaaagg caagttcaaa acctgttctt aagtataagc 5160
catctcicca gtccctcata tggctcttta agacacttcc ttatattctt tgcacataga 5220

aatgtgaatic ciaacaacig cattcaaatt acaaaaatagi ttttaaaagc tgatataata 5280
aatgtaaata caatctagaa catttttata aataaggata ttaactcagt aaaaataaat 5340
gcatggttat tticcttcat tagggaagia tgcctccca ggctgttc tagattctac 5400
tagtaatgcgt gtttgacac catccacagg gttttatatt taaagctaag acatgaatga 5460
tggacatgct tggtagcatt tagactttt tccttactat aattgagctt gtatTTTGT 5520
gtcagttt atatctgtta attcagataa aitgaatagt aggttaattt ttttgtataa 5580
aggcatataa attgaagttt gaaaacaaaa gcctgaaatg acagttttt agattcagaa 5640
caataatitt caaaagcagt tacccaactt tccaaataca atctgcagtt tttttgatat 5700
gtgataaatt tagacaaaga aatgcacat tttaaaatag ctatttactc ttttgtttt 5760
tttcaaattt aggcttagttc actagtttg tggtaggtt tggctgaaa catctttgac 5820
tcttggtagt ggaatccagg atgatttacg tggtaggtt ccattctgg 5880
tttcttctt atcttaggttag ctgcacaaag ttaaagggtt ggtgtatgg gaaggcttc 5940
aggatatataat ttctatattt tttttttt tcctctgtca tatatttgc ttctgtttt 6000
ttgattticta ctgttagttt gatacttact ttcttacact ttcttggga ttattttgc 6060
tgttctaaaga ttctttagca agttcataatc actgattttt acagttgtt cttttgtaa 6120
atagactgaa tggcccttat tttttttt tttttttt tttttttt tttttttt tttttttt 6180
tttttttataa ttccatcaa gtttaccgc tgaatgcct gatccaagaa tatgaaatct 6240
gaaatgcctt gaaatctgaa acttttagag tgataaagct tccctttaaa ttaatttgig 6300

gtatgttcic ccagtcitig gcttgttattt tcatcccttc aatacatata tttttgtaat 7440
ttatttttt tatttaaattt agaaacaaag ctgcctttac atgtcagtc cagttccctc 7500
tccctccccct cctccccctgc tccccaccta agccccaaattt ccaactccctt tcttctcccc 7560
aggaagggtg aggccctcca tggggaaaat ttcaatgtc tgcataatca ttggagcag 7620
ggccctagacc ctccccagtg tgcttaggtt gagagagttt ccccttaatgt ggagagggtt 7680
cccaaagttc attttgttac tagggtaaaa tacigatcca ctatcagtgg ccccaatagat 7740
tgtccggacc tccaaactga ctccctccctt cagggagttt ggaacagttc tatgciggtt 7800
tccccagatat cagictgggg iccaigagca accccctttt caggicagttt gtttctgtt 7860
gtttccccag cccggcttgc acccccttttgc tcatcaccc cccctctctg caaciggtt 7920
ccagagttca gtcagttttt tagctgtggg tgctctgttgc tgcttccatc agctactgg 7980
tgagggctctt aggaatggcat ataaggtagt catcagtc tttttttttt aagggtttttt 8040
aaggtagctt ctgtttttttt gtttagattttt tttagttttttt tcaacctttt aggctctttttt 8100
acagtgtacac aattttttttt aaacctataaa tggctccctc tgigggggta tccctttttt 8160
tgtctctcatc ctgtttttttt cttttttttt cttttttttt cttttttttt cttttttttt 8220
tcccccttttccctttttttt tttttttttt cttttttttt cttttttttt cttttttttt 8280
gtttatgaga tcttgcctt attttagcaa aacctttttt gctataaaat taattttttt 8340
aaatgttta taicagggtttt atttttttttt gttttttttt gttttttttt agttttttttt 8400
acccttttttt acaatgtatcc ttatattttt acacagttt aatattttttt aatattttttt 8460

ttttttttt ttaaagatTTT atTTatTTT tatgtctct gcctgcattc cagaaggaggg 8520
caccagaaci cattcaaggt ggttgtgagc caccatgtgg ttgcgtggaa ttgaactcg 8580
gaccctctggaa agaacagtcgatc gtgtcttiaa ccgcgtggcc atctctccag cccctgaagt 8640
gtttctttta aagaggatag cagtgcattca tttttccctt tgaccaatga ctccatcac 8700
actgaattgtt ttagccatt tataalgttat gctgttacca ggtttacatt ttcctttatc 8760
ttgtctaaatt tcttcccgtt ttgtctcatc tcttattttt gctgttgaa ttataataggc 8820
ttttatTTT ctgttttac agtaagttaat acaaattaa aattatTTT tggaaatgggt 8880
gtgttgacta catgtatgc igtgcaccaat ggccgtggcc agaagaagg 8940
gtcataattct ctgaaaactgg tattgtggat gttacgaact gccatagggt gcttaggaatc 9000
aaacccccggc tcctctggaa aaggcagccac tgctctggcc cactgagttcc tctcttcaag 9060
cagggtatgc caacttttaa tggttaccag tggataagag tgcgttgatc tctagcaccc 9120
atgaaaatit atgcaatgtt atatgggcit gtcacttcag cattgtgtga cagagacagg 9180
aggatcccaa gagctc 9196

<210> 10

<211> 28

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 10

gagacttcag cccacccaa ttattggc

28

<210> 11

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 11

citgtgtgac tcttaacct cagag

25

<210> 12

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 12

gaggccactt gtgttagcgcc aagtgt

25

<210> 13

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 13

ccctcgagat aacctcgat agc

23

<210> 14

<211> 18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence : Synthetic DNA

<400> 14

ggtaggcctc actaaactg

18

<210> 15

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence : Synthetic DNA

<400> 15

catagaaaaca agtaacaaca gccag

25

<210> 16

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 16

gtgagtcatttggctgtcact g

21

<210> 17

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 17

cctgacttgg ctattcttag

20

<210> 18

<211> 384

<212> DNA

<213> Mus musculus

<400> 18

atg gat ttt cag gtg cag att atc agc ttc ctg cta atc agt gct tca 48
Met Asp Phe Gln Val Gln Ile Ile Ser Phe Leu Leu Ile Ser Ala Ser

1 5 10 15

gtc ata atg tcc aga gga caa att gtt ctc tcc cag tct cca gca atc 96
Val Ile Met Ser Arg Gly Gln Ile Val Leu Ser Gln Ser Pro Ala Ile

20 25 30

ctg tct gca tct cca ggg gag aag gtc aca atg act tgc agg gcc agc 144
Leu Ser Ala Ser Pro Gly Glu Lys Val Thr Met Thr Cys Arg Ala Ser

35 40 45

tca agt gta agt tac atc cac tgg ttc cag cag aag cca gga tcc tcc 192
Ser Ser Val Ser Tyr Ile His Trp Phe Gln Gln Lys Pro Gly Ser Ser

50 55 60

ccc aaa ccc tgg att tat gcc aca tcc aac ctg gc t tct gga gtc cct 240
Pro Lys Pro Trp Ile Tyr Ala Thr Ser Asn Leu Ala Ser Gly Val Pro

65 70 75 80

gtt	cgc	tcc	agt	ggc	agt	ggg	tct	ggg	act	tct	tac	tct	ctc	acc	atc	288
Val	Arg	Phe	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Gly	Thr	Ser	Tyr	Ser	Leu	Thr	Ile	
															95	
85																
agc	aga	gtg	gag	gct	gaa	gat	gct	gcc	act	tat	tac	tgc	cag	cag	tgg	336
Ser	Arg	Val	Glu	Ala	Glu	Asp	Ala	Ala	Thr	Tyr	Tyr	Cys	Gln	Gln	Trp	
100																
act	agt	aac	cca	ccc	acg	ttc	gga	ggg	ggg	acc	aag	ctg	gaa	atc	aaa	384
Thr	Ser	Asn	Pro	Pro	Thr	Phe	Gly	Gly	Gly	Thr	Lys	Leu	Glu	Ile	Lys	
115																
120																
															125	

<210> 19

<211> 420

<212> DNA

<213> Mus musculus

<400> 19

atg	ggt	tgg	agc	ctc	atc	ttg	ctc	tcc	ctt	gtc	gct	gtt	gct	atc	cgt	48
Met	Gly	Trp	Ser	Leu	Ile	Leu	Leu	Phe	Leu	Val	Ala	Val	Ala	Thr	Arg	
1															15	
5																

gtc	ctg	tcc	cag	gtt	caa	ctg	cag	cag	cct	ggg	gct	gag	ctg	gtg	aag	96
Val	Leu	Ser	Gln	Val	Gln	Leu	Gln	Gln	Pro	Gly	Ala	Glu	Leu	Val	Lys	
20																
25																
30																

cct	ggg	gcc	tca	gtg	aag	atg	tcc	aag	gct	tct	ggc	tac	aca	ttt	144
Pro	Gly	Ala	Ser	Val	Lys	Met	Ser	Cys	Lys	Ala	Ser	Gly	Tyr	Thr	Phe
35															
40															
45															

acc	agt	tac	aat	atg	cac	tgg	gtt	aaa	cag	aca	cct	ggt	ggc	ctg	192	
Thr	Ser	Tyr	Asn	Met	His	Trp	Val	Lys	Met	Ser	Cys	Lys	Ala	Ser	Gly	Leu
50																
55																
60																

gaa	tgg	att	gga	gct	att	tat	ccc	gga	aat	ggt	gat	act	tcc	tac	aat	240
Glu	Trp	Ile	Gly	Ala	Ile	Tyr	Pro	Gly	Asn	Gly	Asp	Thr	Ser	Tyr	Asn	
65																
70																
75																

cag	aag	tcc	aaa	ggc	aag	gcc	aca	tgg	act	gca	gac	aaa	tcc	tcc	agc	288
Gln	Lys	Phe	Lys	Gly	Lys	Ala	Thr	Leu	Thr	Ala	Asp	Lys	Ser	Ser	Ser	
85																
90																
95																

aca

gcc

tac

atg

cag

ctc

agc

ctg

aca

tct

gag

gac

tct

gcg

gtc

Thr Ala Tyr Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr Ser Glu Asp Ser Ala Val
100 105 110
tat tac tgt gca aga tcg act tac tac ggc ggt gac tgg tac ttc aat 384
Tyr Tyr Cys Ala Arg Ser Thr Tyr Tyr Gly Gly Asp Trp Tyr Phe Asn
115 120 125
gtc tgg ggc gca ggg acc acg gtc acc gtc tct gca 420
Val Trp Gly Ala Gly Thr Thr Val Thr Val Ser Ala
130 135 140

<210> 20

<211> 91

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 20

caggaaacag ctatgacgaa ttgcgcctctt caaaaatggat tttcagggtgc agattatcag 60
cttccctgtta atcagtgctt cagtcatataat g 91

<210> 21

<211> 91

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 21

gtgacccttctt cccctggaga tgcagacagg atttgtggag actgggagag aacaatttgt 60
ccctctggaca ttatgactga agcactgatt a 91

<210> 22

<211> 90

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 22

c t c c a g g g a g a a g g t c a c a a t g a c t t g c a g g c c a g c t c a a g t g i a a g t a c a t c c a c t 60
g g t t c c a g e a g a a g g c a g g a t c c t c c c c c a 90

<210> 23

<211> 89

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 23

c c a g a c c c a c t g c c a c t g a a g c g a a c a c g g g a c t t c c a g a a g c c a g g t t g g a t g i g g c a t a a 60
a t c c a g g g t t t g g g g g a g g a t c c t g g t t 89

<210> 24

<211> 91

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 24

t c a g t g g c a g t g g g t c t g g g a c t t c t t a c t c t c a c c a t c a g c a g a g i g g a g g c t g a a g 60

aigctgccac ttattactgc cagcagtgga c

91

<210> 25

<211> 90

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 25

gttttcccgat tcacgaccgt acgttgttatttccagcttgg tccccccccc gaaacgtgggt 60
gggttactatgg tccactgtcg gcagtaataa 90

<210> 26

<211> 99

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 26

caggaaacag ctatgacgacg gcccgcaccc ctcaccatgg gtgtggagccatcatcttgc 60
ttcccttgcgtcg ctgttgtac gcggtgtcg tcccaaggta 99

<210> 27

<211> 98

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 27
atgtagtagcc agaaggcttg caggacacit tcactggggc cccagcccttc accagctcgag 60
ccccaggcgic ctgcgttgtt acctgggaca ggacacgc 98

<210> 28
 <211> 97
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 28
caaggcttct ggctcacat ttaccagttt caaatatgcac tgggtaaaac agacacctgg 60
tcggggcccttg gaaatggattt gagctatttt tcccccga 97

<210> 29
<211> 99
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 29
gtaggctgig cggaggait tgcgtcagtt caatgtggcc ttgcctttaa acttcgtatt 60
gtiaggaaatgta tcaccatattt cgggataaat agtcccaat 99

<210> 30
<211> 99
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 30

aatccctcag cacagcciac atgcagctca gcagccgtac atctgaggac tctgcggct 60
attactgtgc aagaatcgact taatcacggcg gtagacttgt 99

<210> 31

<211> 98

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 31

gttttccctcag tcacgacggg cccttgggtgg aggctgcaga gacggtgacc gtggccctg 60
cgccccagac attgaagtac cagtcaccgc cgtatcaa 98

<210> 32

<211> 25

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: Synthetic DNA

<400> 32

gagctggtga agccctggggc ctca 25

PCT

原本(出願用)

[この用紙は、国際出願の一部を構成せず、国際出願の用紙の枚数に算入しない]

0-1	様式 PCT/RO/134 (SAPE) この寄託された微生物又はその他の生物、 材料に関する表示 (PCT規則13の2)は、 右記によって作成された。	PCT-SAFE [EASY mode] Version 3.50 (Build 0002.163)
0-2	国際出願番号	PCT/JP 2004/015315
0-3	出願人又は代理人の審査記号	1620

1	下記の表示は発明の詳細な説明中に記載 された微生物又は生物材料に関する * 記載頁 行	61 21
1-3	寄託の表示 1-3-1 寄託機関の名称	IPOD (独)産業技術総合研究所 特許生物寄託センター (IPOD)
1-3-2	寄託機関のあて名	日本国 〒305-8566 茨城県つくば市東1丁目1番地1 中央第6
1-3-3	寄託の日付	2003年 03月 20日 (20.03.2003)
1-3-4	受託番号	IPOD FERM BP-8337
1-4	追加の表示	ヨーロッパ特許条約施行規則28 (3) の規定に基づき 、微生物が請求人により推薦された専門家にのみ試料 分譲されることを可能とすることを出願人は希望する (Rule 28(4) EPC)
1-5	この表示を行うための指定国	すべての指定国
2	下記の表示は発明の詳細な説明中に記載 された微生物又は生物材料に関する * 記載頁 行	62 11
2-3	寄託の表示 2-3-1 寄託機関の名称	IPOD (独)産業技術総合研究所 特許生物寄託センター (IPOD)
2-3-2	寄託機関のあて名	日本国 〒305-8566 茨城県つくば市東1丁目1番地1 中央第6
2-3-3	寄託の日付	2003年 03月 20日 (20.03.2003)
2-3-4	受託番号	IPOD FERM BP-8336
2-4	追加の表示	ヨーロッパ特許条約施行規則28 (3) の規定に基づき 、微生物が請求人により推薦された専門家にのみ試料 分譲されることを可能とすることを出願人は希望する (Rule 28(4) EPC)
2-5	この表示を行うための指定国	すべての指定国

PCT

原本(出願用)
[この用紙は、国際出願の一部を構成せず、国際出願の用紙の枚数に算入しない]

3	下記の表示は発明の詳細な説明中に記載された微生物又は生物材料に関連している 記載頁 行	62 33
3-3	寄託の表示 3-3-1 寄託機関の名称	IPOD (独)産業技術総合研究所 特許生物寄託センター (IPOD)
3-3-2	寄託機関のあて名	日本国 〒305-8566 茨城県つくば市東1丁目1番地1 中央第6
3-3-3	寄託の日付	2003年 03月 20日 (20. 03. 2003)
3-3-4	受託番号	IPOD FERM BP-8335
3-4	追加の表示	ヨーロッパ特許条約施行規則28 (3) の規定に基づき、微生物が請求人により推薦された専門家にのみ試料分譲されることを可能とすることを出願人は希望する (Rule 28(4) EPC)
3-5	この表示を行うための指定国	すべての指定国
4	下記の表示は発明の詳細な説明中に記載された微生物又は生物材料に関連している 記載頁 行	68 14
4-3	寄託の表示 4-3-1 寄託機関の名称	IPOD (独)産業技術総合研究所 特許生物寄託センター (IPOD)
4-3-2	寄託機関のあて名	日本国 〒305-8566 茨城県つくば市東1丁目1番地1 中央第6
4-3-3	寄託の日付	2004年 08月 13日 (13. 08. 2004)
4-3-4	受託番号	IPOD FERM BP-10092
4-4	追加の表示	ヨーロッパ特許条約施行規則28 (3) の規定に基づき、微生物が請求人により推薦された専門家にのみ試料分譲されることを可能とすることを出願人は希望する (Rule 28(4) EPC)
4-5	この表示を行うための指定国	すべての指定国

受理官庁記入欄

0-4	この用紙は国際出願とともに受理した (はい/いいえ)	08.10.2004
0-4-1	権限のある職員	山田陽一

3/3

PCT

原本(出願用)

[この用紙は、国際出願の一部を構成せず、国際出願の用紙の枚数に算入しない]

国際事務局記入欄

0-5	この用紙が国際事務局に受理された日	28 October 2004
0-5-1	権限のある職員	藤野(かのう)

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2004/015315

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER
Int.Cl⁷ C12N5/10, C12N15/13, C12P21/08

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)
Int.Cl⁷ C12N5/10, C12N15/13, C12P21/08

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)
· REGISTRY (SNT), CA (STN), WPI (DIALOG), BIOSIS (DIALOG), JSTPlus (JOIS), GenBank/EMBL/DDBJ/GeneSeq, SwissProt/PIR/GeneSeq

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	WO 02/31140 A1 (Kyowa Hakko Kogyo Co., Ltd.), 18 April, 2002 (18.04.02), & AU 200194198 A & US 2003/0115614 A1 & EP 1331266 A1 & BR 200114475 A & KR 2003081312 A & MX 2003002974 A1	1-27
P,X	YAMANE-OHNUKI, N. et al., Establishment of FUT8 knockout Chinese hamster ovary cells: an ideal host cell line for producing completely defucosylated antibodies with enhanced antibody-dependent cellular cytotoxicity. Biotechnol.Bioeng. 05 September, 2004 (05.09.04), Vol.87, No.5, pages 614 to 622	1-27

 Further documents are listed in the continuation of Box C. See patent family annex.

* Special categories of cited documents:

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier application or patent but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"^aT" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention"^aX" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone"^a" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art"^a&" document member of the same patent familyDate of the actual completion of the international search
13 January, 2005 (13.01.05)Date of mailing of the international search report
01 February, 2005 (01.02.05)Name and mailing address of the ISA/
Japanese Patent Office

Authorized officer

Facsimile No.

Telephone No.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.
PCT/JP2004/015315

C (Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
P, X	WO 03/85107 A1 (Kyowa Hakko Kogyo Co., Ltd.), 16 October, 2003 (16.10.03), & AU 2003236022 A1 & US 2004/0110704 A1	1-27
P, X	WO 03/85118 A1 (Kyowa Hakko Kogyo Co., Ltd.), 16 October, 2003 (16.10.03), & AU 2003236015 A1 & US 2004/0132140 A1	1-27

A. 発明の属する分野の分類(国際特許分類(IPC))

Int. Cl⁷ C12N 5/10, C12N 15/13, C12P 21/08

B. 調査を行った分野

調査を行った最小限資料(国際特許分類(IPC))

Int. Cl⁷ C12N 5/10, C12N 15/13, C12P 21/08

最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの

国際調査で使用した電子データベース(データベースの名称、調査に使用した用語)

REGISTRY(STN), CA(STN), WPI(DIALOG), BIOSIS(DIALOG), JSTPlus(JOIS),
GenBank/EMBL/DDJB/GeneSeq, SwissProt/PIR/GeneSeq

C. 関連すると認められる文献

引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求の範囲の番号
X	WO 02/31140 A1 (協和醸酵工業株式会社) 2002.04.18 & AU 200194198 A & US 2003/0115614 A1 & EP 1331266 A1 & BR 200114475 A & KR 2003081312 A & MX 2003002974 A1	1-27
P, X	YAMANE-OHNUKI, N. et al. Establishment of FUT8 knockout Chinese hamster ovary cells: an ideal host cell line for producing completely defucosylated antibodies with enhanced antibody-dependent cellular cytotoxicity. Biotechnol. Bioeng. 2004. Sep. 5, Vol. 87, No. 5, p. 614-622	1-27

 C欄の続きにも文献が列挙されている。 パテントファミリーに関する別紙を参照。

* 引用文献のカテゴリー

「A」特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの

「E」国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの

「L」優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献(理由を付す)

「O」口頭による開示、使用、展示等に言及する文献

「P」国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願

の日の後に公表された文献

「T」国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの

「X」特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの

「Y」特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの

「&」同一パテントファミリー文献

国際調査を完了した日

13.01.2005

国際調査報告の発送日

01.2.2005

国際調査機関の名称及びあて先

日本国特許庁 (ISA/JP)

郵便番号100-8915

東京都千代田区霞が関三丁目4番3号

特許庁審査官(権限のある職員)

高堀 栄二

4B 9281

電話番号 03-3581-1101 内線 3448

C(続き) 関連すると認められる文献		関連する 請求の範囲の番号
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	
P,X	WO 03/85107 A1 (協和醸酵工業株式会社) 2003.10.16 & AU 2003236022 A1 & US 2004/0110704 A1	1-27
P,X	WO 03/85118 A1 (協和醸酵工業株式会社) 2003.10.16 & AU 2003236015 A1 & US 2004/0132140 A1	1-27